

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs10007366	GRIA2	4	158476758	A	394	0.85	0.28	5.8E-01	A	292	0.96	0.34	9.0E-01	A	281	0.78	0.37	5.0E-01
rs1001484	AIM	12	110021205	G	394	1.05	0.17	8.0E-01	G	292	1.04	0.20	8.4E-01	G	281	1.01	0.21	9.5E-01
rs10016465	CCKAR	4	26090438	G	394	1.19	0.16	2.9E-01	G	292	1.06	0.20	7.7E-01	G	281	1.40	0.21	1.1E-01
rs1002317	ACCN1	17	28624412	G	393	0.98	0.17	9.0E-01	G	291	0.89	0.21	5.8E-01	G	280	1.04	0.21	8.6E-01
rs10027540	ACSL1	4	185987834	G	393	0.86	0.17	3.8E-01	G	291	0.78	0.21	2.5E-01	G	280	1.02	0.21	9.2E-01
rs10028945	GABRB1	4	47123062	A	394	0.84	0.16	2.9E-01	A	292	1.02	0.19	9.2E-01	A	281	0.67	0.22	6.8E-02
rs1003229	AIM	14	97241370	G	394	0.92	0.17	6.2E-01	G	292	0.97	0.20	9.0E-01	G	281	0.91	0.22	6.6E-01
rs10033951	DRD5	4	9388678	T	394	0.84	0.15	2.5E-01	T	292	0.77	0.19	1.6E-01	T	281	0.91	0.19	6.2E-01
rs10042081	GRIA1	5	153043509	C	381	1.23	0.18	2.4E-01	C	284	1.29	0.21	2.3E-01	C	270	1.15	0.22	5.3E-01
rs10051667	GABRB2	5	160830906	C	394	0.88	0.26	6.1E-01	C	292	0.87	0.31	6.6E-01	C	281	0.85	0.33	6.2E-01
rs1005358	KCNJ6	21	38095990	G	394	1.01	0.14	9.4E-01	G	292	1.01	0.17	9.6E-01	G	281	1.02	0.18	9.1E-01
rs10057083	CSNK1A1	5	148854047	G	394	1.03	0.26	9.0E-01	G	292	0.77	0.34	4.5E-01	G	281	1.40	0.31	2.8E-01
rs10058728	CSNK1A1	5	148884285	T	394	1.21	0.15	1.9E-01	T	292	1.06	0.17	7.3E-01	T	281	1.33	0.19	1.3E-01
rs10069900	GABRB2	5	160850531	G	394	1.13	0.16	4.3E-01	G	292	0.97	0.19	8.7E-01	G	281	1.31	0.20	1.8E-01
rs10070447	GRIA1	5	153159007	T	394	1.03	0.14	8.3E-01	T	292	1.08	0.18	6.6E-01	T	281	1.01	0.18	9.8E-01
rs1007722	SCN2A	2	165956293	A	394	0.89	0.15	4.4E-01	A	292	1.03	0.19	8.6E-01	A	281	0.78	0.20	2.1E-01
rs10086435	STAU2	8	74766335	T	394	0.98	0.18	9.3E-01	T	292	1.02	0.22	9.3E-01	T	281	0.91	0.24	6.9E-01
rs1008673	ADRBK2	22	24324013	G	389	1.16	0.17	4.1E-01	G	287	1.22	0.20	3.3E-01	G	277	1.00	0.22	1.0E+00
rs10086736	STAU2	8	74824332	C	394	1.04	0.16	8.1E-01	C	292	1.02	0.20	9.3E-01	C	281	1.05	0.20	8.2E-01
rs10089254	ADRA1A	8	26680523	G	391	0.90	0.15	5.0E-01	G	289	0.87	0.18	4.3E-01	G	279	0.93	0.19	7.0E-01
rs1008949	EGR3	8	22609566	T	389	0.86	0.15	3.0E-01	T	288	0.94	0.18	7.4E-01	T	276	0.78	0.18	1.7E-01
rs1009848	EPHB6	7	142265373	G	394	0.84	0.16	2.6E-01	G	292	0.84	0.21	4.1E-01	G	281	0.88	0.20	5.1E-01
rs10100388	STAU2	8	74780483	G	393	1.07	0.16	6.5E-01	G	291	1.15	0.19	4.6E-01	G	281	0.95	0.20	8.1E-01
rs10106686	STAU2	8	74794424	T	394	1.31	0.30	3.7E-01	T	292	1.30	0.35	4.5E-01	T	281	1.17	0.37	6.8E-01
rs10107384	AIM	8	10890860	G	393	0.85	0.15	2.7E-01	G	291	0.97	0.18	8.7E-01	G	280	0.69	0.20	6.3E-02
rs10108011	PPP3CC	8	22376751	G	394	1.13	0.14	4.0E-01	G	292	1.00	0.17	9.8E-01	G	281	1.26	0.18	2.0E-01
rs10113320	AIM	8	134925795	T	394	1.06	0.15	7.1E-01	T	292	0.96	0.18	8.1E-01	T	281	1.21	0.18	3.1E-01
rs1011696	CACNA2D1	7	81546254	T	393	1.02	0.15	9.2E-01	T	291	1.23	0.18	2.6E-01	T	280	0.94	0.20	7.7E-01
rs10117	HSPA9	5	137920069	A	394	1.10	0.14	5.2E-01	A	292	1.14	0.18	4.6E-01	A	281	1.10	0.18	6.0E-01
rs1012586	GRIN2B	12	13746899	C	394	1.03	0.15	8.2E-01	C	292	1.08	0.19	6.8E-01	C	281	0.96	0.18	8.2E-01
rs1012587	GRIN2B	12	13746181	A	394	1.07	0.16	6.8E-01	A	292	0.91	0.21	6.4E-01	A	281	1.30	0.21	2.1E-01
rs10128498	GRK5	10	121042898	G	394	1.16	0.14	2.9E-01	G	292	1.40	0.17	4.9E-02	G	281	1.02	0.18	9.3E-01
rs10129270	HIF1A	14	61251707	A	394	1.09	0.30	7.7E-01	A	292	1.21	0.36	5.9E-01	A	281	1.06	0.38	8.7E-01
rs10137185	ESR2	14	63845529	T	394	0.72	0.25	1.8E-01	T	292	0.52	0.33	4.6E-02	T	281	0.93	0.29	8.1E-01
rs10143977	BDKRB1	14	95796636	G	394	0.68	0.26	1.3E-01	G	292	0.69	0.32	2.4E-01	G	281	0.78	0.32	4.3E-01
rs1014444	DPP4	2	162577104	G	393	1.05	0.15	7.3E-01	G	291	1.14	0.18	4.5E-01	G	281	0.96	0.19	8.2E-01
rs1014531	GRIN2A	16	9763295	A	394	1.16	0.14	3.2E-01	A	292	1.17	0.17	3.6E-01	A	281	1.17	0.18	3.8E-01
rs10152453	AIM	15	61885666	C	394	0.67	0.21	6.0E-02	C	292	0.62	0.27	7.2E-02	C	281	0.74	0.26	2.6E-01
rs10152524	AIM	15	44027656	C	394	0.93	0.17	6.7E-01	C	292	0.84	0.22	4.1E-01	C	281	1.00	0.22	9.9E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs10155882	IFRD1	7	111874269	C	394	0.78	0.14	7.6E-02	C	292	0.89	0.17	4.9E-01	C	281	0.70	0.19	5.2E-02
rs10157379	NLRP3	1	245672222	C	393	1.18	0.14	2.5E-01	C	292	1.43	0.18	4.3E-02	C	281	0.95	0.17	7.9E-01
rs1016379	PRKACB	1	84362717	G	394	1.21	0.17	2.5E-01	G	292	1.61	0.20	1.6E-02	G	281	0.80	0.22	3.1E-01
rs1016732	ATP1A2	1	158353592	A	394	1.25	0.19	2.5E-01	A	292	1.27	0.23	3.0E-01	A	281	1.36	0.24	2.0E-01
rs10173511	ERBB4	2	212872835	G	394	0.64	0.24	6.1E-02	G	292	0.59	0.30	7.9E-02	G	281	0.66	0.30	1.7E-01
rs10177176	PRKD3	2	37371549	C	394	1.17	0.15	2.9E-01	C	292	1.32	0.18	1.2E-01	C	281	0.99	0.19	9.7E-01
rs10179705	CALCRL	2	188023479	A	393	0.86	0.16	3.3E-01	A	291	0.76	0.19	1.7E-01	A	281	1.00	0.19	9.9E-01
rs10190201	XDH	2	31438579	G	394	1.20	0.14	2.0E-01	G	292	1.26	0.18	1.9E-01	G	281	1.14	0.18	4.8E-01
rs10192302	ERBB4	2	212116424	C	394	1.14	0.15	3.8E-01	C	292	1.03	0.18	8.7E-01	C	281	1.27	0.19	2.0E-01
rs10194776	HTR2B	2	231688263	T	394	1.04	0.15	7.7E-01	T	292	1.05	0.18	7.8E-01	T	281	1.03	0.19	8.8E-01
rs10203398	CALCRL	2	188023822	G	379	0.88	0.15	4.0E-01	G	283	0.78	0.19	2.0E-01	G	272	1.01	0.19	9.4E-01
rs10207672	TRPM8	2	234552900	C	394	0.97	0.15	8.2E-01	C	292	0.70	0.19	6.2E-02	C	281	1.27	0.19	2.0E-01
rs1020852	SCN1A	2	166635905	T	394	0.79	0.18	1.8E-01	T	292	0.93	0.22	7.5E-01	T	281	0.73	0.24	1.9E-01
rs10208860	TACR1	2	75225096	T	394	0.70	0.14	1.4E-02	T	292	0.67	0.17	1.8E-02	T	281	0.75	0.18	1.1E-01
rs10214211	ADRA1B	5	159333089	C	394	1.41	0.28	2.2E-01	C	292	1.64	0.33	1.4E-01	C	281	1.29	0.35	4.6E-01
rs10215655	ETV1	7	13992291	T	394	1.17	0.14	2.8E-01	T	292	1.43	0.18	4.6E-02	T	281	1.00	0.18	9.9E-01
rs10224124	CAMK2B	7	44301067	T	393	1.21	0.15	1.9E-01	T	291	1.20	0.18	3.1E-01	T	280	1.30	0.18	1.4E-01
rs10226282	CACNA2D1	7	81415369	A	394	0.85	0.17	3.2E-01	A	292	1.04	0.20	8.3E-01	A	281	0.63	0.24	5.4E-02
rs1023990	TPH2	12	70668514	G	394	1.06	0.16	7.0E-01	G	292	1.17	0.18	3.9E-01	G	281	0.97	0.20	9.0E-01
rs1024323	GRK4	4	2975841	T	394	1.07	0.15	6.6E-01	T	292	1.01	0.18	9.6E-01	T	281	1.08	0.19	6.9E-01
rs10244108	EGFR	7	55119831	A	394	0.82	0.15	1.8E-01	A	292	0.89	0.18	5.2E-01	A	281	0.75	0.19	1.3E-01
rs10244632	DDC	7	50566197	T	394	0.93	0.17	6.7E-01	T	292	0.97	0.21	9.0E-01	T	281	0.84	0.22	4.2E-01
rs1024570	IFRD1	7	111895527	C	393	1.27	0.15	1.1E-01	C	291	1.28	0.18	1.7E-01	C	281	1.34	0.18	1.2E-01
rs10249419	AIM	7	117169042	T	394	0.83	0.15	2.0E-01	T	292	0.88	0.18	4.6E-01	T	281	0.76	0.20	1.7E-01
rs10261685	ABCB1	7	87182354	C	394	0.87	0.53	7.9E-01	C	292	1.03	0.64	9.6E-01	C	281	0.86	0.70	8.3E-01
rs1027478	CALM2	2	47243530	C	394	0.96	0.15	7.7E-01	C	292	0.98	0.18	9.2E-01	C	281	0.91	0.19	6.2E-01
rs10277237	NOS3	7	150314277	A	393	1.07	0.17	7.0E-01	A	291	1.15	0.20	4.8E-01	A	280	0.96	0.22	8.5E-01
rs1028040	AIM	3	57215650	T	394	1.08	0.15	6.1E-01	T	292	0.82	0.19	2.8E-01	T	281	1.32	0.18	1.2E-01
rs10306114	PTGS1	9	124172343	G	393	1.57	0.29	1.2E-01	G	291	1.70	0.33	1.1E-01	G	280	1.26	0.37	5.2E-01
rs10306194	PTGS1	9	124197019	A	394	1.16	0.21	4.7E-01	A	292	1.22	0.24	4.2E-01	A	281	1.11	0.26	6.8E-01
rs10306202	PTGS1	9	124199342	A	394	1.15	0.26	6.0E-01	A	292	1.11	0.32	7.5E-01	A	281	1.17	0.33	6.3E-01
rs10370	SOD2	6	160021522	G	394	0.99	0.15	9.4E-01	G	292	0.94	0.19	7.3E-01	G	281	1.05	0.19	8.0E-01
rs10410581	NALP12	19	58989046	T	394	1.10	0.31	7.6E-01	T	292	1.30	0.35	4.5E-01	T	281	0.77	0.42	5.3E-01
rs10420077	AIM	19	35338458	G	392	1.08	0.16	6.3E-01	G	291	1.01	0.19	9.7E-01	G	279	1.17	0.20	4.3E-01
rs1042039	XDH	2	31411810	C	394	0.93	0.15	6.5E-01	C	292	0.97	0.18	8.6E-01	C	281	0.92	0.19	6.5E-01
rs1042048	CCKBR	11	6249786	G	394	0.85	0.15	2.7E-01	G	292	0.78	0.18	1.8E-01	G	281	0.99	0.18	9.7E-01
rs1042173	SLC6A4	17	25549137	C	394	0.81	0.14	1.3E-01	C	292	0.89	0.17	5.0E-01	C	281	0.80	0.18	2.1E-01
rs1042426	ATP6V1B2	8	20122923	C	394	1.39	0.26	2.0E-01	C	292	1.53	0.30	1.6E-01	C	281	1.21	0.33	5.6E-01
rs1042618	PTGER2	14	51864850	T	394	1.13	0.22	5.8E-01	T	292	1.10	0.27	7.1E-01	T	281	1.31	0.27	3.3E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1042711	ADRB2	5	148186541	C	380	1.17	0.14	2.6E-01	C	281	1.13	0.17	4.8E-01	C	270	1.29	0.17	1.4E-01
rs1042714	ADRB2	5	148186666	G	394	1.16	0.14	3.0E-01	G	292	1.12	0.17	5.0E-01	G	281	1.27	0.17	1.6E-01
rs1042717	ADRB2	5	148186839	A	394	0.91	0.18	5.9E-01	A	292	0.74	0.23	1.8E-01	A	281	1.10	0.22	6.7E-01
rs1042718	ADRB2	5	148187110	A	394	0.87	0.19	4.5E-01	A	292	0.68	0.24	1.1E-01	A	281	1.11	0.23	6.6E-01
rs1042719	ADRB2	5	148187640	C	389	0.88	0.16	4.2E-01	C	289	0.73	0.19	1.0E-01	C	277	1.04	0.19	8.2E-01
rs1042728	PTGER1	19	14442063	G	377	0.95	0.27	8.6E-01	G	277	0.69	0.37	3.2E-01	G	268	1.14	0.32	6.9E-01
rs10430472	PRKG1	10	53562554	T	392	1.26	0.39	5.5E-01	T	290	0.93	0.49	8.7E-01	T	281	1.51	0.44	3.5E-01
rs1043132	ATP6V1A	3	115011379	G	394	1.18	0.15	2.8E-01	G	292	1.30	0.19	1.6E-01	G	281	1.14	0.19	5.0E-01
rs1043357	STAU1	20	47164635	C	394	1.03	0.15	8.2E-01	C	292	1.19	0.18	3.4E-01	C	281	0.92	0.19	6.8E-01
rs1043627	PLA2G4B	15	39907192	T	394	0.73	0.21	1.4E-01	T	292	0.78	0.25	3.2E-01	T	281	0.66	0.29	1.4E-01
rs1044393	CHRNA4	20	61452568	A	376	1.14	0.23	5.6E-01	A	278	1.06	0.27	8.4E-01	A	266	1.17	0.28	5.8E-01
rs10460527	PRKD3	2	37358609	G	393	0.79	0.22	2.9E-01	G	291	0.80	0.27	4.1E-01	G	281	0.76	0.28	3.4E-01
rs10460960	CCK	3	42283739	G	393	1.06	0.22	8.1E-01	G	291	1.13	0.26	6.4E-01	G	281	1.01	0.27	9.6E-01
rs1046117	FOS	14	74816443	C	391	1.14	0.16	4.4E-01	C	290	1.20	0.20	3.7E-01	C	278	0.99	0.20	9.5E-01
rs1046248	BDKRB2	14	95773237	T	394	0.85	0.24	4.8E-01	T	292	0.77	0.30	3.8E-01	T	281	0.98	0.30	9.6E-01
rs10463249	GRIA1	5	152897553	T	394	1.12	0.15	4.3E-01	T	292	1.14	0.18	4.7E-01	T	281	1.13	0.18	5.1E-01
rs10463293	CAMK2A	5	149616266	G	393	1.24	0.14	1.3E-01	G	291	1.14	0.17	4.5E-01	G	281	1.34	0.18	1.0E-01
rs10468138	NTRK3	15	86362191	G	394	0.97	0.14	8.4E-01	G	292	0.93	0.17	6.7E-01	G	281	1.01	0.17	9.6E-01
rs1046995	ATP1A2	1	158379365	C	394	0.71	0.18	6.1E-02	C	292	0.64	0.23	5.5E-02	C	281	0.84	0.23	4.4E-01
rs1047214	NPY2R	4	156355126	C	394	1.21	0.15	1.9E-01	C	292	1.16	0.17	3.8E-01	C	281	1.20	0.18	3.2E-01
rs1047735	NOS1	12	116169653	A	394	1.13	0.16	4.3E-01	A	292	1.55	0.18	1.7E-02	A	281	0.69	0.22	8.8E-02
rs10482672	NR3C1	5	142672726	A	393	0.96	0.21	8.5E-01	A	291	0.77	0.27	3.4E-01	A	281	1.11	0.26	6.9E-01
rs10483038	KCNJ6	21	37946641	C	394	0.96	0.15	7.7E-01	C	292	0.89	0.19	5.3E-01	C	281	1.10	0.18	6.1E-01
rs10483639	GCH1	14	54376207	C	394	0.93	0.17	6.7E-01	C	292	0.93	0.21	7.2E-01	C	281	0.92	0.21	6.7E-01
rs1048401	GBP1	1	89298554	C	394	1.10	0.43	8.3E-01	C	292	1.33	0.46	5.4E-01	C	281	0.70	0.64	5.8E-01
rs10485422	RUNX2	6	45597170	A	394	1.31	0.16	8.9E-02	A	292	1.32	0.19	1.4E-01	A	281	1.33	0.20	1.5E-01
rs10485703	PDYN	20	1908313	G	394	0.93	0.22	7.4E-01	G	292	0.82	0.29	5.0E-01	G	281	1.09	0.27	7.5E-01
rs10486945	CACNA2D1	7	81611085	A	394	1.18	0.15	2.9E-01	A	292	1.09	0.19	6.5E-01	A	281	1.23	0.19	2.7E-01
rs10486948	CACNA2D1	7	81629627	T	393	0.97	0.15	8.6E-01	T	292	1.14	0.18	4.7E-01	T	280	0.80	0.20	2.4E-01
rs10486960	CACNA2D1	7	81926324	T	394	1.24	0.20	2.8E-01	T	292	1.26	0.24	3.3E-01	T	281	1.30	0.25	2.9E-01
rs10488141	EGFR	7	55162838	T	394	1.06	0.17	7.3E-01	T	292	1.15	0.21	5.2E-01	T	281	1.14	0.22	5.5E-01
rs10488401	AIM	7	135476064	A	394	1.08	0.14	5.8E-01	A	292	1.07	0.17	7.0E-01	A	281	1.12	0.17	5.0E-01
rs10488619	AIM	7	135824107	A	393	0.82	0.14	1.5E-01	A	291	0.78	0.17	1.6E-01	A	280	0.83	0.17	3.0E-01
rs1048892	ATP6V1A	3	114947549	G	394	1.17	0.15	3.2E-01	G	292	1.30	0.19	1.6E-01	G	281	1.14	0.19	5.1E-01
rs10489406	PLA2G4A	1	185079750	A	394	1.74	0.24	2.2E-02	A	292	1.76	0.29	4.9E-02	A	281	1.69	0.29	6.9E-02
rs10489407	PLA2G4A	1	185090736	A	394	0.71	0.20	8.3E-02	A	292	0.69	0.25	1.4E-01	A	281	0.76	0.25	2.8E-01
rs10489968	INADL	1	62202253	G	394	1.10	0.19	6.3E-01	G	292	1.29	0.23	2.6E-01	G	281	0.85	0.26	5.4E-01
rs10490977	PRKG1	10	52683543	T	394	1.36	0.45	5.0E-01	T	292	3.06	0.50	2.5E-02	T	281	0.28	1.08	2.4E-01
rs10491329	GABRG2	5	161504278	G	394	1.21	0.20	3.6E-01	G	292	1.09	0.24	7.3E-01	G	281	1.33	0.26	2.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs10491334	CAMK4	5	110800303	T	394	0.60	0.20	1.0E-02	T	292	0.53	0.25	1.1E-02	T	281	0.68	0.25	1.2E-01
rs10491374	SLC1A3	5	36703336	G	392	0.91	0.15	5.1E-01	G	291	0.76	0.18	1.3E-01	G	279	1.10	0.19	6.3E-01
rs1049353	CNR1	6	88910354	T	393	1.19	0.16	2.8E-01	T	292	1.18	0.20	4.1E-01	T	280	1.26	0.20	2.5E-01
rs10493750	PRKACB	1	84334853	G	394	1.12	0.15	4.3E-01	G	292	0.99	0.18	9.8E-01	G	281	1.27	0.18	1.9E-01
rs10494336	ATP1A2	1	158374212	A	394	0.76	0.21	1.9E-01	A	292	0.69	0.26	1.6E-01	A	281	0.93	0.26	7.7E-01
rs10495927	PRKCE	2	46206003	G	394	0.85	0.15	2.9E-01	G	292	0.82	0.19	2.9E-01	G	281	0.90	0.19	5.9E-01
rs10497144	KCNJ3	2	155336513	C	394	1.00	0.30	1.0E+00	C	292	0.49	0.44	1.0E-01	C	281	1.53	0.33	2.0E-01
rs1049728	RELA	11	65177693	C	394	1.05	0.31	8.8E-01	C	292	0.90	0.38	7.8E-01	C	281	1.12	0.38	7.7E-01
rs10497944	ERBB4	2	212002670	G	394	0.93	0.14	6.2E-01	G	292	0.79	0.18	1.7E-01	G	281	1.03	0.18	8.7E-01
rs10498310	PRKD1	14	29263897	T	394	1.03	0.18	8.6E-01	T	292	1.17	0.21	4.6E-01	T	281	0.90	0.23	6.4E-01
rs10498313	PRKD1	14	29468627	G	385	1.18	0.18	3.6E-01	G	283	1.35	0.22	1.7E-01	G	274	1.04	0.23	8.7E-01
rs1049982	CAT	11	34417117	T	394	1.19	0.16	2.7E-01	T	292	1.15	0.19	4.5E-01	T	281	1.18	0.20	4.1E-01
rs10500205	CAMK4	5	110659890	C	394	1.21	0.61	7.6E-01	C	292	2.32	0.68	2.2E-01	C	281	0.50	1.13	5.4E-01
rs1050305	ANXA1	9	74965055	G	394	1.86	0.29	3.0E-02	G	292	1.91	0.34	5.8E-02	G	281	2.28	0.35	1.9E-02
rs10503929	NRG1	8	32733525	C	394	1.24	0.18	2.4E-01	C	292	0.99	0.23	9.6E-01	C	281	1.48	0.22	6.9E-02
rs1050395	ATP2B1	12	88553032	C	394	1.05	0.18	7.9E-01	C	292	0.93	0.22	7.4E-01	C	281	1.23	0.23	3.6E-01
rs10505778	GRIN2B	12	14016831	G	394	1.02	0.15	8.8E-01	G	292	1.05	0.18	8.0E-01	G	281	0.94	0.19	7.7E-01
rs10506974	ATP2B1	12	88510467	T	394	1.15	0.19	4.6E-01	T	292	1.09	0.22	7.2E-01	T	281	1.35	0.23	1.9E-01
rs10510496	RAB5A	3	19967592	A	393	1.18	0.18	3.5E-01	A	292	1.21	0.22	3.8E-01	A	280	1.21	0.22	3.9E-01
rs10513337	AGTR1	3	149933664	A	394	0.84	0.30	5.5E-01	A	292	0.63	0.41	2.6E-01	A	281	1.06	0.36	8.8E-01
rs10515639	CAMK2A	5	149636619	T	392	0.91	0.17	6.0E-01	T	291	0.87	0.21	5.1E-01	T	279	1.04	0.22	8.7E-01
rs10515826	GABRB2	5	160682403	T	394	1.20	0.27	5.0E-01	T	292	1.11	0.33	7.5E-01	T	281	1.28	0.34	4.7E-01
rs10517	NQO1	16	68301261	A	394	1.87	0.23	7.4E-03	A	292	2.30	0.27	1.7E-03	A	281	1.36	0.31	3.2E-01
rs10517171	GABRA4	4	46677066	T	394	0.79	0.26	3.7E-01	T	292	0.88	0.31	6.6E-01	T	281	0.67	0.35	2.5E-01
rs10517665	GRIA2	4	158421852	C	394	1.09	0.20	6.8E-01	C	292	1.08	0.25	7.7E-01	C	281	1.11	0.25	6.9E-01
rs1052264	TMSB10	2	84987435	C	393	1.22	0.20	3.3E-01	C	291	1.25	0.24	3.6E-01	C	280	1.17	0.25	5.4E-01
rs1053989	CRHBP	5	76300791	A	384	0.91	0.15	5.1E-01	A	283	0.88	0.18	4.8E-01	A	275	1.01	0.19	9.4E-01
rs1054713	KLK1	19	56015313	A	394	0.95	0.15	7.1E-01	A	292	0.82	0.18	2.9E-01	A	281	1.06	0.18	7.4E-01
rs1055114	ARL5B	10	19006747	C	394	0.88	0.18	4.8E-01	C	292	0.89	0.22	5.9E-01	C	281	1.01	0.22	9.5E-01
rs1056021	PRKD3	2	37333753	G	394	0.99	0.16	9.4E-01	G	292	1.07	0.19	7.4E-01	G	281	0.88	0.20	5.3E-01
rs1056513	INADL	1	62152886	G	394	1.52	0.16	8.7E-03	G	292	1.54	0.19	2.5E-02	G	281	1.47	0.19	5.0E-02
rs1056810	DDX24	14	93593969	C	394	0.98	0.15	8.8E-01	C	292	1.05	0.18	7.8E-01	C	281	0.96	0.19	8.1E-01
rs1056896	ACSL1	4	185914357	C	394	0.70	0.19	6.9E-02	C	292	0.66	0.24	8.1E-02	C	281	0.72	0.25	1.8E-01
rs1057293	SGK1	6	134535090	A	394	0.91	0.26	7.0E-01	A	292	0.94	0.31	8.5E-01	A	281	0.88	0.32	7.0E-01
rs1057738	PRKACB	1	84443404	A	393	0.85	0.15	2.8E-01	A	291	0.94	0.18	7.1E-01	A	280	0.78	0.18	1.8E-01
rs1057741	IKBKB	8	42307707	A	388	0.90	0.45	8.2E-01	A	286	0.54	0.67	3.5E-01	A	278	1.42	0.51	4.9E-01
rs1057911	CYP2C9	10	96738727	T	394	0.68	0.31	2.2E-01	T	292	0.51	0.41	1.1E-01	T	281	0.81	0.37	5.7E-01
rs1057985	SLC29A1	6	44293879	T	394	1.14	0.15	4.0E-01	T	292	1.01	0.19	9.7E-01	T	281	1.24	0.19	2.6E-01
rs1058172	CYP2D6	22	40853472	T	378	0.78	0.21	2.4E-01	T	278	0.55	0.27	2.6E-02	T	272	1.01	0.26	9.6E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1059623	HSPCA	14	101616971	G	394	1.09	0.23	7.3E-01	G	292	1.03	0.29	9.1E-01	G	281	1.10	0.29	7.4E-01
rs1060822	NOS2A	17	23116758	A	394	1.25	0.15	1.4E-01	A	292	1.27	0.18	1.9E-01	A	281	1.30	0.19	1.6E-01
rs1060826	NOS2A	17	23113994	T	394	1.25	0.15	1.4E-01	T	292	1.27	0.18	1.9E-01	T	281	1.30	0.19	1.6E-01
rs1061332	SC5DL	11	120683512	A	393	1.09	0.15	5.7E-01	A	291	1.05	0.19	7.8E-01	A	280	1.10	0.20	6.2E-01
rs1064448	ADCY7	16	48908384	T	394	0.94	0.15	6.6E-01	T	292	1.07	0.18	7.2E-01	T	281	0.83	0.19	3.2E-01
rs1065776	P2RY1	3	154036318	T	392	0.75	0.35	4.1E-01	T	291	0.67	0.45	3.7E-01	T	280	0.85	0.44	7.1E-01
rs1071502	GRIN2A	16	10169313	C	394	0.82	0.16	2.1E-01	C	292	0.97	0.19	8.5E-01	C	281	0.65	0.21	3.8E-02
rs1071676	IL1B	2	113303904	G	394	1.15	0.17	4.1E-01	G	292	1.20	0.20	3.6E-01	G	281	1.08	0.21	7.2E-01
rs1072982	ATP1B3	3	143095063	G	394	0.93	0.15	6.1E-01	G	292	0.93	0.18	6.8E-01	G	281	0.92	0.19	6.6E-01
rs10732882	P2RX3	11	56868269	T	394	0.96	0.15	7.7E-01	T	292	1.12	0.18	5.0E-01	T	281	0.82	0.18	2.7E-01
rs10735380	IGF1	12	101368366	G	394	0.81	0.16	1.8E-01	G	292	0.83	0.19	3.4E-01	G	281	0.81	0.20	2.8E-01
rs10735510	ATF3	1	210852083	G	394	1.07	0.14	6.4E-01	G	292	1.03	0.16	8.8E-01	G	281	1.16	0.17	3.7E-01
rs10738329	MPDZ	9	13222472	T	394	1.06	0.20	7.7E-01	T	292	0.96	0.26	8.9E-01	T	281	1.24	0.24	3.8E-01
rs10741127	ARL5B	10	18997653	G	394	1.05	0.15	7.7E-01	G	292	1.07	0.18	7.2E-01	G	281	0.95	0.19	7.7E-01
rs1074287	OPRM1	6	154390502	G	393	0.94	0.16	7.1E-01	G	291	0.84	0.20	4.0E-01	G	281	1.07	0.20	7.4E-01
rs10745288	AIM	10	49801403	G	394	1.18	0.14	2.4E-01	G	292	1.27	0.17	1.6E-01	G	281	1.06	0.18	7.4E-01
rs10746750	NTRK2	9	86574354	G	393	1.07	0.15	6.4E-01	G	291	1.19	0.18	3.3E-01	G	280	1.00	0.19	9.8E-01
rs10748185	TPH2	12	70622122	A	394	1.12	0.14	4.3E-01	A	292	1.05	0.18	8.0E-01	A	281	1.15	0.18	4.3E-01
rs10752989	PLA2G4A	1	185222053	T	393	0.79	0.15	1.1E-01	T	291	0.82	0.18	2.7E-01	T	281	0.76	0.19	1.4E-01
rs10754261	GBP2	1	89363670	T	393	1.03	0.15	8.6E-01	T	291	0.94	0.18	7.3E-01	T	280	1.03	0.19	8.7E-01
rs10754555	NLRP3	1	245651266	G	392	0.85	0.14	2.7E-01	G	290	0.84	0.17	3.1E-01	G	281	0.87	0.18	4.3E-01
rs10754558	NLRP3	1	245678659	G	394	1.26	0.15	1.3E-01	G	292	1.26	0.18	2.0E-01	G	281	1.23	0.19	2.7E-01
rs10759	RGS4	1	161312975	T	394	1.13	0.16	4.4E-01	T	292	1.30	0.19	1.7E-01	T	281	1.00	0.20	9.9E-01
rs1076292	CRHR2	7	30679226	C	392	1.10	0.15	5.2E-01	C	290	1.16	0.19	4.3E-01	C	279	1.11	0.19	5.7E-01
rs10763013	AIM	10	55283129	T	394	1.05	0.19	7.8E-01	T	292	0.81	0.24	3.7E-01	T	281	1.27	0.23	2.9E-01
rs1076563	DRD2	11	112801119	A	394	1.21	0.14	2.0E-01	A	292	1.07	0.17	7.2E-01	A	281	1.39	0.18	7.3E-02
rs10770140	TH	11	2150173	C	383	1.01	0.15	9.3E-01	C	283	0.97	0.18	8.7E-01	C	273	1.05	0.18	8.1E-01
rs10772717	GRIN2B	12	13931914	G	394	0.89	0.15	4.1E-01	G	292	0.74	0.19	1.1E-01	G	281	1.09	0.18	6.3E-01
rs10776727	ADORA3	1	111848549	C	394	1.32	0.14	4.9E-02	C	292	1.44	0.18	3.9E-02	C	281	1.31	0.18	1.2E-01
rs10776733	ADORA3	1	111909192	A	394	0.87	0.14	3.2E-01	A	292	0.92	0.17	6.4E-01	A	281	0.78	0.18	1.7E-01
rs10783389	ATF1	12	49476873	T	392	0.84	0.16	2.8E-01	T	290	0.83	0.19	3.4E-01	T	280	0.81	0.20	2.7E-01
rs10783462	SCN8A	12	50316641	G	394	0.75	0.19	1.4E-01	G	292	0.67	0.24	1.0E-01	G	281	0.83	0.23	4.4E-01
rs10785952	AIM	10	92038772	G	394	0.88	0.15	3.8E-01	G	292	0.72	0.18	7.2E-02	G	281	1.08	0.19	6.9E-01
rs1079078	ADRA1A	8	26753964	C	394	0.99	0.17	9.3E-01	C	292	0.77	0.22	2.4E-01	C	281	1.24	0.20	2.8E-01
rs10795588	AIM	10	8126176	G	393	0.87	0.14	3.3E-01	G	291	0.82	0.17	2.4E-01	G	281	0.93	0.17	6.5E-01
rs1079596	DRD2	11	112801829	T	393	1.12	0.21	5.8E-01	T	291	0.88	0.27	6.2E-01	T	281	1.39	0.25	1.9E-01
rs10799897	RGS4	1	161309712	G	393	1.24	0.14	1.2E-01	G	291	1.11	0.17	5.5E-01	G	281	1.40	0.17	5.1E-02
rs10802184	AIM	1	116680864	T	394	0.97	0.24	9.1E-01	T	292	1.41	0.26	1.9E-01	T	281	0.53	0.37	8.5E-02
rs10802501	NLRP3	1	245678825	A	394	0.96	0.19	8.5E-01	A	292	1.15	0.23	5.4E-01	A	281	0.76	0.25	2.6E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1080327	CCL2	17	29615779	A	394	0.95	0.16	7.5E-01	A	292	0.82	0.20	3.2E-01	A	281	1.10	0.20	6.3E-01
rs10803665	TRPM8	2	234499373	T	393	0.94	0.25	7.9E-01	T	291	0.89	0.30	7.0E-01	T	280	1.01	0.31	9.8E-01
rs10809907	MPDZ	9	13124432	C	394	0.76	0.15	7.4E-02	C	292	0.76	0.18	1.4E-01	C	281	0.75	0.20	1.5E-01
rs10809913	MPDZ	9	13171898	A	394	0.82	0.16	2.1E-01	A	292	0.79	0.20	2.2E-01	A	281	0.88	0.20	5.1E-01
rs10818739	GABBR2	9	100093628	G	391	1.13	0.18	5.0E-01	G	290	1.14	0.22	5.6E-01	G	279	1.30	0.23	2.6E-01
rs10822131	PRKG1	10	52459022	T	394	1.10	0.17	5.6E-01	T	292	1.13	0.20	5.5E-01	T	281	1.14	0.21	5.3E-01
rs10822178	PRKG1	10	52501587	A	394	0.76	0.15	5.8E-02	A	292	0.78	0.18	1.7E-01	A	281	0.74	0.19	1.1E-01
rs10845848	GRIN2B	12	13913138	A	394	1.13	0.14	3.9E-01	A	292	1.11	0.17	5.5E-01	A	281	1.19	0.18	3.3E-01
rs10847171	AIM	12	125546608	C	393	1.08	0.15	6.1E-01	C	292	0.99	0.19	9.7E-01	C	280	1.15	0.19	4.7E-01
rs10848623	SLC6A13	12	229724	G	393	0.91	0.16	5.5E-01	G	291	0.92	0.19	6.5E-01	G	280	0.91	0.20	6.3E-01
rs10853843	FPR2	19	56959373	C	394	1.03	0.18	8.6E-01	C	292	0.94	0.22	7.6E-01	C	281	1.15	0.21	5.2E-01
rs10860865	IGF1	12	101355852	T	394	0.77	0.16	9.8E-02	T	292	0.80	0.19	2.6E-01	T	281	0.76	0.20	1.6E-01
rs10864166	KCNK2	1	213470741	C	392	0.90	0.15	4.9E-01	C	290	1.24	0.19	2.6E-01	C	281	0.66	0.20	3.3E-02
rs10865408	TACR1	2	75257298	A	394	0.70	0.17	4.2E-02	A	292	0.69	0.22	8.8E-02	A	281	0.74	0.22	1.6E-01
rs10865918	CCK	3	42278315	C	394	1.10	0.14	5.2E-01	C	292	1.25	0.17	2.0E-01	C	281	0.99	0.18	9.8E-01
rs10868793	AIM	9	90352033	T	376	0.75	0.22	2.0E-01	T	281	0.77	0.27	3.3E-01	T	268	0.73	0.29	2.7E-01
rs10869229	ANXA1	9	74957914	G	394	0.82	0.14	1.5E-01	G	292	0.79	0.17	1.7E-01	G	281	0.87	0.18	4.3E-01
rs10873531	HSPCA	14	101638049	G	394	0.98	0.21	9.2E-01	G	292	0.96	0.26	8.7E-01	G	281	0.95	0.26	8.3E-01
rs10873637	GABRB3	15	24477858	A	393	0.80	0.17	1.9E-01	A	291	0.76	0.21	1.9E-01	A	280	0.81	0.22	3.4E-01
rs10875995	ACCN2	12	48748405	C	394	1.06	0.15	7.1E-01	C	292	0.93	0.19	7.1E-01	C	281	1.26	0.18	2.1E-01
rs10879311	AIM	12	70352255	A	394	1.00	0.18	1.0E+00	A	292	0.92	0.22	7.1E-01	A	281	0.98	0.22	9.4E-01
rs10883439	CPN1	10	101831143	A	393	1.32	0.22	2.1E-01	A	291	1.36	0.26	2.5E-01	A	280	1.36	0.27	2.6E-01
rs10884188	AIM	10	107333364	G	394	1.16	0.14	3.0E-01	G	292	1.44	0.17	3.6E-02	G	281	0.96	0.18	8.0E-01
rs10886437	GRK5	10	121027144	T	394	0.88	0.19	5.1E-01	T	292	0.86	0.23	5.1E-01	T	281	0.84	0.24	4.7E-01
rs10886462	GRK5	10	121095301	G	394	0.94	0.15	7.0E-01	G	292	0.77	0.19	1.8E-01	G	281	1.09	0.19	6.5E-01
rs10889272	INADL	1	62175137	C	391	0.93	0.15	6.2E-01	C	289	0.79	0.19	2.2E-01	C	279	1.11	0.19	5.8E-01
rs10895871	GRIA4	11	105108090	G	393	0.95	0.14	7.1E-01	G	291	1.03	0.18	8.7E-01	G	281	0.91	0.18	5.8E-01
rs10895877	GRIA4	11	105195814	A	394	0.88	0.23	5.7E-01	A	292	0.74	0.29	2.9E-01	A	281	0.99	0.28	9.6E-01
rs10896389	MRGPRD	11	68502904	A	392	1.01	0.14	9.5E-01	A	290	1.12	0.17	5.3E-01	A	281	0.85	0.19	3.8E-01
rs10896607	P2RX3	11	56863035	G	390	0.87	0.16	3.6E-01	G	289	0.70	0.20	6.4E-02	G	279	1.04	0.19	8.5E-01
rs10911946	PLA2G4A	1	185121829	T	394	1.00	0.14	1.0E+00	T	292	0.87	0.17	4.2E-01	T	281	1.08	0.18	6.5E-01
rs10917318	EPHB2	1	23040646	T	394	0.76	0.18	1.3E-01	T	292	0.76	0.23	2.2E-01	T	281	0.81	0.23	3.7E-01
rs10920568	ADORA1	1	201364898	G	394	1.05	0.15	7.6E-01	G	292	1.10	0.19	6.3E-01	G	281	1.00	0.19	9.9E-01
rs10920570	ADORA1	1	201365441	G	392	1.03	0.15	8.4E-01	G	290	1.08	0.19	6.9E-01	G	279	0.99	0.19	9.5E-01
rs10920576	ADORA1	1	201395802	T	394	1.37	0.19	9.5E-02	T	292	1.14	0.23	5.6E-01	T	281	1.59	0.23	4.4E-02
rs10929320	TRPM8	2	234533124	T	394	0.92	0.14	5.7E-01	T	292	0.87	0.17	4.3E-01	T	281	0.97	0.17	8.5E-01
rs10929321	TRPM8	2	234536082	G	393	0.96	0.15	7.8E-01	G	291	1.03	0.18	8.6E-01	G	280	0.90	0.19	6.0E-01
rs10930148	SCN3A	2	165671518	C	394	1.03	0.18	8.6E-01	C	292	0.94	0.22	7.6E-01	C	281	1.19	0.22	4.3E-01
rs10930162	SCN2A	2	165950074	G	393	1.03	0.16	8.4E-01	G	291	1.02	0.20	9.4E-01	G	280	1.07	0.21	7.6E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs10930202	SCN1A	2	166623851	C	394	0.74	0.21	1.5E-01	C	292	0.66	0.26	1.2E-01	C	281	0.77	0.26	3.1E-01
rs10930214	SCN9A	2	166814099	C	394	1.09	0.15	5.9E-01	C	292	1.13	0.18	5.1E-01	C	281	0.95	0.20	8.0E-01
rs10932201	CREB1	2	208134502	A	394	1.10	0.15	5.1E-01	A	292	1.26	0.18	1.9E-01	A	281	1.00	0.18	9.9E-01
rs1093329	NOS1	12	116180547	A	394	0.98	0.15	8.8E-01	A	292	1.26	0.18	1.9E-01	A	281	0.69	0.19	5.4E-02
rs10933921	AIM	3	109082643	A	394	1.04	0.14	7.8E-01	A	292	1.01	0.17	9.7E-01	A	281	1.06	0.17	7.3E-01
rs10934256	DRD3	3	115368342	A	394	0.98	0.18	9.3E-01	A	292	1.21	0.21	3.7E-01	A	281	0.82	0.24	4.2E-01
rs10935442	ATP1B3	3	143077107	G	394	0.87	0.20	4.8E-01	G	292	0.77	0.26	3.1E-01	G	281	1.06	0.25	8.3E-01
rs10935842	P2RY12	3	152586628	A	394	1.13	0.15	4.2E-01	A	292	1.08	0.18	6.7E-01	A	281	1.12	0.19	5.6E-01
rs10948234	RUNX2	6	45482586	A	393	0.69	0.15	1.4E-02	A	291	0.58	0.19	4.7E-03	A	280	0.79	0.19	2.0E-01
rs10958713	IKKBK	8	42299873	T	394	0.93	0.15	6.4E-01	T	292	0.94	0.19	7.3E-01	T	281	0.85	0.20	4.1E-01
rs10960954	MPDZ	9	13110380	C	394	0.87	0.14	3.1E-01	C	292	0.87	0.17	4.3E-01	C	281	0.83	0.19	3.4E-01
rs10985765	GABBR2	9	100095943	C	394	1.16	0.18	4.1E-01	C	292	1.15	0.22	5.2E-01	C	281	1.36	0.23	1.9E-01
rs10986125	GABBR2	9	100208458	G	394	0.86	0.28	5.8E-01	G	292	0.82	0.34	5.6E-01	G	281	0.86	0.35	6.8E-01
rs10995555	PRKG1	10	52503771	T	393	0.48	0.23	1.2E-03	T	292	0.52	0.27	1.6E-02	T	280	0.44	0.30	6.6E-03
rs10996377	PRKG1	10	52690748	A	394	1.15	0.27	5.9E-01	A	292	1.62	0.30	1.1E-01	A	281	0.73	0.38	4.2E-01
rs11030121	BDNF	11	27692783	T	394	1.45	0.16	2.4E-02	T	292	1.18	0.20	3.9E-01	T	281	1.80	0.20	3.9E-03
rs11046186	KCNJ8	12	21829811	T	394	1.10	0.16	5.3E-01	T	292	1.22	0.19	3.0E-01	T	281	0.99	0.20	9.5E-01
rs11072880	ZFAND6	15	78185968	A	393	0.81	0.16	2.1E-01	A	291	0.81	0.20	2.8E-01	A	281	0.70	0.22	1.0E-01
rs11080233	ACCN1	17	29033654	G	393	0.83	0.20	3.6E-01	G	291	0.86	0.24	5.5E-01	G	280	0.78	0.26	3.4E-01
rs1108581	DBH	9	135495062	G	394	1.05	0.19	7.8E-01	G	292	0.98	0.23	9.3E-01	G	281	1.07	0.23	7.7E-01
rs11098964	AIM	4	81106993	A	394	1.20	0.14	1.9E-01	A	292	1.18	0.17	3.2E-01	A	281	1.18	0.17	3.4E-01
rs11100494	NPY5R	4	164489703	A	394	1.71	0.31	7.9E-02	A	292	1.74	0.36	1.2E-01	A	281	1.53	0.37	2.4E-01
rs11102930	NGF	1	115682578	G	394	0.95	0.15	7.1E-01	G	292	1.02	0.17	9.2E-01	G	281	0.92	0.18	6.4E-01
rs11105345	ATP2B1	12	88540933	A	394	0.74	0.45	5.0E-01	A	292	1.06	0.49	9.1E-01	A	281	0.32	0.77	1.4E-01
rs11105356	ATP2B1	12	88559164	T	394	0.74	0.45	5.0E-01	T	292	1.06	0.49	9.1E-01	T	281	0.32	0.77	1.4E-01
rs11105358	ATP2B1	12	88566273	C	394	0.92	0.15	5.9E-01	C	292	1.02	0.18	9.3E-01	C	281	0.83	0.20	3.5E-01
rs11111267	IGF1	12	101335369	G	393	0.66	0.19	2.7E-02	G	291	0.70	0.23	1.1E-01	G	280	0.60	0.25	3.7E-02
rs11119989	ATF3	1	210862315	T	394	0.59	0.74	4.8E-01	T	292	0.36	1.10	3.5E-01	T	281	0.80	0.85	8.0E-01
rs11122576	AGT	1	228913302	C	392	0.93	0.25	7.7E-01	C	290	0.97	0.30	9.3E-01	C	279	0.90	0.33	7.5E-01
rs11123519	DBI	2	119844012	A	394	0.77	0.17	1.3E-01	A	292	0.62	0.23	3.3E-02	A	281	0.92	0.21	6.8E-01
rs11126303	AIM	2	26027007	G	393	1.94	0.45	1.4E-01	G	291	0.90	0.72	8.8E-01	G	280	4.47	0.52	3.8E-03
rs11129800	SCN10A	3	38719374	T	393	0.79	0.15	1.1E-01	T	292	0.74	0.18	9.8E-02	T	280	0.78	0.18	1.8E-01
rs11129802	SCN10A	3	38725440	T	394	1.16	0.24	5.5E-01	T	292	1.42	0.28	2.1E-01	T	281	0.91	0.33	7.8E-01
rs11135176	GABRG2	5	161455134	T	394	0.93	0.26	7.9E-01	T	292	0.78	0.33	4.6E-01	T	281	1.08	0.31	8.1E-01
rs11136793	AIM	8	4767247	G	394	1.02	0.15	8.8E-01	G	292	0.98	0.18	8.9E-01	G	281	1.11	0.19	5.7E-01
rs11143275	ZFAND5	9	74165556	A	393	0.70	0.30	2.3E-01	A	291	0.62	0.38	2.0E-01	A	280	0.78	0.37	4.9E-01
rs11150610	ITGAM	16	31241737	A	393	0.93	0.14	6.2E-01	A	291	1.01	0.18	9.4E-01	A	280	0.91	0.18	5.9E-01
rs11167557	GLRA1	5	151206950	G	394	0.91	0.14	4.8E-01	G	292	0.84	0.17	3.0E-01	G	281	0.93	0.18	7.0E-01
rs11169552	ATF1	12	49441930	T	394	0.86	0.16	3.1E-01	T	292	0.85	0.19	3.8E-01	T	281	0.81	0.20	2.9E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs11169567	ATF1	12	49491205	C	394	1.02	0.14	8.9E-01	C	292	1.01	0.18	9.5E-01	C	281	1.08	0.18	6.6E-01
rs11179002	TPH2	12	70628551	T	394	0.98	0.15	8.8E-01	T	292	1.08	0.18	6.5E-01	T	281	0.89	0.20	5.7E-01
rs11184898	AIM	1	106755851	T	394	0.85	0.15	2.9E-01	T	292	0.72	0.19	7.3E-02	T	281	1.09	0.19	6.5E-01
rs11198874	GRK5	10	121068504	A	394	0.44	0.35	2.0E-02	A	292	0.49	0.43	9.3E-02	A	281	0.39	0.49	5.6E-02
rs11203006	AIM	10	90906065	G	388	1.05	0.19	7.8E-01	G	286	0.92	0.23	7.2E-01	G	278	1.16	0.23	5.1E-01
rs1120905	GRIN2B	12	13895444	G	393	1.14	0.15	3.6E-01	G	291	0.98	0.18	9.2E-01	G	281	1.33	0.19	1.3E-01
rs11209710	PTGER3	1	71137606	C	394	1.02	0.15	8.8E-01	C	292	1.00	0.19	9.9E-01	C	281	1.09	0.19	6.5E-01
rs11209715	PTGER3	1	71147951	A	394	0.90	0.14	4.4E-01	A	292	0.98	0.17	8.9E-01	A	281	0.79	0.19	2.1E-01
rs11218941	HSPA8	11	122437619	G	394	1.34	0.18	1.1E-01	G	292	1.01	0.23	9.8E-01	G	281	1.63	0.21	2.2E-02
rs11226804	GRIA4	11	104983227	C	394	0.69	0.39	3.4E-01	C	292	0.84	0.45	6.9E-01	C	281	0.45	0.57	1.6E-01
rs11226805	GRIA4	11	104987234	T	392	0.98	0.14	8.9E-01	T	290	0.92	0.17	6.1E-01	T	280	1.06	0.17	7.3E-01
rs11226839	GRIA4	11	105128159	A	394	0.84	0.22	4.4E-01	A	292	0.71	0.29	2.2E-01	A	281	0.99	0.27	9.6E-01
rs11227247	RELA	11	65179429	C	394	0.84	0.21	4.0E-01	C	292	0.99	0.25	9.7E-01	C	281	0.69	0.29	1.9E-01
rs1123425	NOS1	12	116270488	G	394	1.04	0.14	7.7E-01	G	292	1.32	0.17	1.1E-01	G	281	0.87	0.18	4.6E-01
rs11235711	P2RY6	11	72669991	C	383	0.95	0.20	7.8E-01	C	284	1.23	0.24	3.9E-01	C	273	0.83	0.28	5.1E-01
rs11249209	RUNX3	1	25162014	A	394	1.03	0.22	9.1E-01	A	292	0.82	0.28	4.8E-01	A	281	1.23	0.27	4.4E-01
rs1127231	VPS4A	16	67912464	G	394	0.99	0.15	9.4E-01	G	292	1.04	0.19	8.2E-01	G	281	1.07	0.20	7.2E-01
rs1128994	NTRK3	15	86481688	A	386	0.66	0.17	1.3E-02	A	285	0.62	0.21	2.0E-02	A	276	0.71	0.22	1.1E-01
rs1129235	TRPV2	17	16266730	C	394	1.19	0.15	2.4E-01	C	292	1.23	0.18	2.5E-01	C	281	1.22	0.18	2.8E-01
rs1129304	GLRB	4	158311872	A	387	1.26	0.15	1.2E-01	A	288	1.42	0.18	5.4E-02	A	276	1.06	0.19	7.6E-01
rs1130371	CCL3	17	31440650	A	387	1.28	0.17	1.5E-01	A	287	1.24	0.21	2.9E-01	A	274	1.38	0.22	1.4E-01
rs1137070	MAOA	23	43488335	T	394	0.97	0.15	8.2E-01	T	292	1.00	0.18	9.8E-01	T	281	0.88	0.19	5.0E-01
rs1137933	NOS2A	17	23130059	A	394	0.77	0.17	1.3E-01	A	292	0.80	0.21	2.8E-01	A	281	0.72	0.23	1.5E-01
rs1140475	EGFR	7	55233911	T	394	1.13	0.20	5.4E-01	T	292	1.01	0.25	9.6E-01	T	281	1.24	0.25	3.8E-01
rs1143623	IL1B	2	113312300	G	394	1.13	0.17	4.6E-01	G	292	1.18	0.20	4.1E-01	G	281	1.21	0.22	3.8E-01
rs1143627	IL1B	2	113310858	G	394	0.96	0.16	8.1E-01	G	292	1.00	0.18	9.9E-01	G	281	0.96	0.20	8.6E-01
rs1143634	IL1B	2	113306861	A	394	1.15	0.17	4.1E-01	A	292	1.20	0.20	3.6E-01	A	281	1.08	0.21	7.2E-01
rs1143643	IL1B	2	113304773	T	393	0.97	0.15	8.4E-01	T	291	0.89	0.19	5.2E-01	T	280	1.04	0.20	8.6E-01
rs1144410	GRIA4	11	105285335	A	394	0.88	0.15	4.0E-01	A	292	0.84	0.19	3.6E-01	A	281	0.87	0.19	4.8E-01
rs1150226	HTR3A	11	113350751	A	394	0.81	0.27	4.3E-01	A	292	0.66	0.35	2.5E-01	A	281	1.01	0.32	9.7E-01
rs11536889	TLR4	9	119517952	C	394	1.16	0.20	4.8E-01	C	292	1.32	0.23	2.4E-01	C	281	0.90	0.27	6.9E-01
rs11542313	GAD1	2	171386871	C	393	1.06	0.14	6.6E-01	C	291	1.17	0.17	3.6E-01	C	280	0.90	0.18	5.5E-01
rs11543848	EGFR	7	55196749	A	377	0.79	0.17	1.8E-01	A	277	0.79	0.21	2.5E-01	A	268	0.75	0.22	2.0E-01
rs11557927	SCD	10	102111806	G	392	1.48	0.24	1.0E-01	G	290	1.75	0.27	3.9E-02	G	280	1.04	0.30	9.0E-01
rs11562954	TRPM8	2	234502252	C	394	0.89	0.24	6.3E-01	C	292	0.84	0.30	5.7E-01	C	281	0.95	0.31	8.7E-01
rs11563056	TRPM8	2	234565909	G	394	0.88	0.15	4.1E-01	G	292	0.65	0.19	2.4E-02	G	281	1.12	0.19	5.4E-01
rs11563071	TRPM8	2	234580279	G	393	1.08	0.23	7.5E-01	G	291	0.99	0.28	9.6E-01	G	280	1.12	0.28	6.9E-01
rs11563202	TRPM8	2	234587101	C	394	0.70	0.19	6.0E-02	C	292	0.68	0.24	1.0E-01	C	281	0.79	0.24	3.1E-01
rs11563208	TRPM8	2	234569817	T	393	0.85	0.16	2.9E-01	T	291	1.02	0.18	9.0E-01	T	281	0.68	0.21	6.3E-02

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs11568817	HTR1B	6	78230101	C	391	0.91	0.15	5.2E-01	C	290	0.88	0.18	4.7E-01	C	278	0.96	0.18	8.4E-01
rs1157493	KCNK2	1	213305580	A	394	0.98	0.15	8.8E-01	A	292	1.13	0.18	4.7E-01	A	281	0.88	0.19	5.0E-01
rs11575542	DDC	7	50498481	T	393	1.01	0.48	9.9E-01	T	292	0.67	0.69	5.6E-01	T	280	1.57	0.56	4.2E-01
rs1158135	SCN3A	2	165688559	C	392	0.88	0.16	4.1E-01	C	290	0.76	0.21	1.8E-01	C	279	1.03	0.20	8.9E-01
rs11582098	ADORA1	1	201349434	T	394	1.00	0.15	1.0E+00	T	292	1.14	0.18	4.9E-01	T	281	0.86	0.19	4.5E-01
rs1158219	PRKD3	2	37400324	A	393	1.09	0.15	5.4E-01	A	291	1.21	0.18	2.9E-01	A	280	0.97	0.18	8.9E-01
rs11587539	PLA2G4A	1	185181800	T	394	1.19	0.15	2.6E-01	T	292	1.26	0.18	1.8E-01	T	281	1.07	0.19	7.3E-01
rs11594585	CPN1	10	101801156	G	392	0.81	0.15	1.6E-01	G	290	0.76	0.18	1.3E-01	G	280	0.83	0.19	3.4E-01
rs11597086	CHUK	10	101943695	C	392	0.85	0.15	2.8E-01	C	291	0.85	0.17	3.6E-01	C	279	0.84	0.18	3.3E-01
rs11599750	CPN1	10	101795432	T	394	0.85	0.14	2.6E-01	T	292	0.82	0.17	2.4E-01	T	281	0.89	0.18	5.0E-01
rs1160093	GABRA4	4	46644527	C	394	0.90	0.15	4.6E-01	C	292	0.73	0.19	9.3E-02	C	281	1.07	0.18	7.3E-01
rs1160198	GLRA2	23	14568524	A	394	0.65	0.47	3.7E-01	A	292	0.74	0.57	6.0E-01	A	281	0.63	0.63	4.7E-01
rs116119	EPHB2	1	23091774	T	394	0.95	0.14	7.2E-01	T	292	1.07	0.17	7.1E-01	T	281	0.79	0.19	2.0E-01
rs11625494	BDKRB1	14	95792372	A	394	0.83	0.44	6.6E-01	A	292	0.99	0.49	9.8E-01	A	281	0.58	0.63	3.8E-01
rs11630608	MAP2K1	15	64532191	C	392	0.91	0.15	5.3E-01	C	290	1.01	0.18	9.7E-01	C	279	0.80	0.20	2.7E-01
rs11641062	GRIN2A	16	9990252	G	394	0.90	0.14	4.4E-01	G	292	0.97	0.17	8.4E-01	G	281	0.87	0.18	4.3E-01
rs11656524	HN1	17	70667982	G	393	1.06	0.15	6.9E-01	G	291	1.00	0.19	9.9E-01	G	280	1.14	0.19	4.7E-01
rs11657055	ACCN1	17	28474105	A	394	0.91	0.14	4.8E-01	A	292	0.86	0.17	3.8E-01	A	281	1.04	0.18	8.2E-01
rs11662010	GALR1	18	73090385	G	391	0.94	0.15	6.5E-01	G	290	1.15	0.18	4.2E-01	G	279	0.72	0.19	8.4E-02
rs11688	JUN	1	59020581	T	394	1.38	0.31	2.9E-01	T	292	1.49	0.35	2.6E-01	T	281	1.12	0.38	7.7E-01
rs11690166	KCNJ3	2	155264822	G	394	1.15	0.14	3.5E-01	G	292	1.08	0.18	6.7E-01	G	281	1.27	0.18	1.9E-01
rs11692815	PPP3R1	2	68269271	A	394	0.95	0.14	7.2E-01	A	292	1.02	0.18	9.4E-01	A	281	0.89	0.18	5.3E-01
rs1169721	P2RX4	12	120125892	G	394	0.83	0.17	2.7E-01	G	292	0.91	0.21	6.4E-01	G	281	0.75	0.23	2.1E-01
rs11713100	AIM	3	111513795	C	394	1.28	0.23	3.0E-01	C	292	1.48	0.28	1.6E-01	C	281	1.26	0.30	4.4E-01
rs11716493	SCN10A	3	38789887	G	394	0.77	0.17	1.2E-01	G	292	0.76	0.21	1.8E-01	G	281	0.78	0.20	2.1E-01
rs11718446	NFKBIZ	3	103035243	A	393	1.39	0.16	4.2E-02	A	292	1.40	0.19	8.2E-02	A	280	1.35	0.20	1.3E-01
rs11720524	SCN5A	3	38650416	G	394	1.27	0.15	1.1E-01	G	292	1.43	0.18	4.4E-02	G	281	1.09	0.19	6.4E-01
rs11720592	SLC6A11	3	10897420	C	394	1.26	0.49	6.3E-01	C	292	1.38	0.55	5.6E-01	C	281	1.01	0.63	9.9E-01
rs11740792	NR3C1	5	142727513	G	388	1.82	0.20	2.9E-03	G	286	2.12	0.25	2.9E-03	G	278	1.71	0.24	2.8E-02
rs11741924	GRIA1	5	153103056	A	394	0.79	0.15	1.2E-01	A	292	0.75	0.18	1.2E-01	A	281	0.80	0.19	2.3E-01
rs11748343	GDNF	5	37841699	A	394	0.84	0.14	2.2E-01	A	292	0.75	0.18	1.1E-01	A	281	0.96	0.18	8.0E-01
rs11753634	PACSIN1	6	34590245	A	394	0.81	0.26	4.3E-01	A	292	0.86	0.32	6.4E-01	A	281	0.66	0.35	2.4E-01
rs1176713	HTR3A	11	113365635	G	394	1.05	0.19	7.8E-01	G	292	1.23	0.23	3.6E-01	G	281	0.94	0.24	7.9E-01
rs1176739	HTR3B	11	113313027	C	394	1.00	0.46	1.0E+00	C	292	0.39	0.79	2.3E-01	C	281	1.87	0.50	2.1E-01
rs1176744	HTR3B	11	113308238	C	394	1.04	0.16	8.1E-01	C	292	0.94	0.20	7.5E-01	C	281	1.15	0.20	4.9E-01
rs1176752	HTR3A	11	113348687	T	394	0.96	0.29	8.9E-01	T	292	0.75	0.38	4.5E-01	T	281	1.19	0.34	6.2E-01
rs1176761	HTR3B	11	113318823	A	393	0.99	0.46	9.9E-01	A	291	0.39	0.79	2.3E-01	A	280	1.86	0.50	2.2E-01
rs11795712	GLRA2	23	14659262	T	394	0.93	0.14	6.2E-01	T	292	0.81	0.18	2.4E-01	T	281	1.07	0.18	7.2E-01
rs11798698	HTR2C	23	113803082	T	394	1.26	0.15	1.3E-01	T	292	1.26	0.18	2.1E-01	T	281	1.26	0.19	2.2E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs11847020	HIF1A	14	61229665	G	393	1.20	0.36	6.1E-01	G	291	1.36	0.42	4.7E-01	G	280	1.08	0.46	8.7E-01
rs11861251	ITGAM	16	31196897	C	394	1.29	0.21	2.4E-01	C	292	0.97	0.26	9.1E-01	C	281	1.50	0.25	1.1E-01
rs11862589	SLC6A2	16	54281443	T	392	0.93	0.14	6.2E-01	T	290	0.99	0.17	9.3E-01	T	280	0.88	0.18	4.7E-01
rs1187323	NTRK2	9	86473236	C	388	1.06	0.19	7.5E-01	C	288	0.96	0.23	8.7E-01	C	278	1.18	0.23	4.9E-01
rs1187353	NTRK2	9	86483073	A	393	1.08	0.14	5.8E-01	A	291	1.04	0.17	8.2E-01	A	281	1.16	0.17	3.9E-01
rs11894144	SCN3A	2	165742551	T	394	1.16	0.14	2.7E-01	T	292	1.13	0.16	4.5E-01	T	281	1.19	0.18	3.3E-01
rs11896614	PRKD3	2	37397048	C	394	1.34	0.32	3.5E-01	C	292	1.05	0.40	9.0E-01	C	281	1.53	0.37	2.4E-01
rs11898177	DBI	2	119851961	C	393	0.80	0.15	1.4E-01	C	291	0.74	0.19	1.2E-01	C	280	0.83	0.19	3.3E-01
rs11913810	KCTD17	22	35776992	C	394	1.23	0.23	3.7E-01	C	292	1.26	0.26	3.9E-01	C	281	1.19	0.28	5.4E-01
rs11913984	ADRBK2	22	24389030	G	394	0.85	0.25	5.3E-01	G	292	0.52	0.37	8.2E-02	G	281	1.13	0.29	6.7E-01
rs11917883	P2RY1	3	154042767	G	394	0.74	0.35	3.9E-01	G	292	0.66	0.45	3.6E-01	G	281	0.84	0.44	6.9E-01
rs11919589	SCN11A	3	38910196	G	393	1.20	0.17	2.9E-01	G	291	1.24	0.20	2.9E-01	G	281	1.16	0.22	5.1E-01
rs11926158	SCN10A	3	38798319	C	394	1.00	0.15	1.0E+00	C	292	1.25	0.19	2.4E-01	C	281	0.84	0.20	3.7E-01
rs11937985	MAP2K1IP1	4	101027932	T	394	1.02	0.18	9.3E-01	T	292	1.14	0.22	5.4E-01	T	281	0.87	0.23	5.4E-01
rs11938826	FGF2	4	123992064	G	394	0.82	0.20	3.3E-01	G	292	0.64	0.25	7.9E-02	G	281	1.01	0.24	9.5E-01
rs11941278	HNRNPD	4	83488451	C	394	1.25	0.16	1.6E-01	C	292	1.21	0.19	3.2E-01	C	281	1.26	0.19	2.4E-01
rs11944405	MAP2K1IP1	4	101018984	C	394	1.02	0.18	9.3E-01	C	292	1.14	0.22	5.4E-01	C	281	0.87	0.23	5.4E-01
rs11945868	GLRB	4	158294266	C	394	0.33	0.49	2.4E-02	C	292	0.30	0.64	5.9E-02	C	281	0.34	0.64	8.8E-02
rs1195474	ATF3	1	210804825	T	390	0.92	0.15	5.9E-01	T	289	1.04	0.18	8.3E-01	T	277	0.79	0.19	2.2E-01
rs11965773	TAAR8	6	132914051	C	393	1.54	0.21	3.7E-02	C	291	1.43	0.25	1.6E-01	C	280	1.91	0.25	1.0E-02
rs11968252	TAAR2	6	132984411	T	394	0.94	0.17	7.3E-01	T	292	0.86	0.21	4.8E-01	T	281	1.06	0.21	7.8E-01
rs1197669	PLA2G4B	15	39925748	A	394	1.13	0.15	4.2E-01	A	292	1.22	0.18	2.7E-01	A	281	1.03	0.19	8.9E-01
rs11978472	CACNA2D1	7	81677489	C	388	1.15	0.14	3.3E-01	C	287	1.21	0.17	2.7E-01	C	276	1.13	0.18	5.0E-01
rs11984	PRKD1	14	29115729	C	394	1.09	0.14	5.6E-01	C	292	1.44	0.17	3.6E-02	C	281	0.79	0.19	2.2E-01
rs11986055	IKBKB	8	42254335	C	394	0.55	0.39	1.3E-01	C	292	0.45	0.52	1.2E-01	C	281	0.61	0.49	3.2E-01
rs1200428	RUNX2	6	45626180	T	394	1.16	0.16	3.7E-01	T	292	1.17	0.20	4.4E-01	T	281	1.16	0.21	4.8E-01
rs12026099	PTGER3	1	71115803	A	392	0.57	0.49	2.5E-01	A	290	0.90	0.52	8.4E-01	A	280	0.16	1.05	7.9E-02
rs12050736	MAP2K1	15	64537705	C	394	1.17	0.28	5.7E-01	C	292	1.37	0.32	3.3E-01	C	281	0.84	0.37	6.5E-01
rs12058927	NGF	1	115647744	T	394	1.07	0.19	7.1E-01	T	292	1.16	0.22	5.0E-01	T	281	0.90	0.24	6.7E-01
rs12068974	HNRNPU	1	243089613	C	394	0.92	0.20	6.9E-01	C	292	0.92	0.24	7.2E-01	C	281	0.95	0.25	8.4E-01
rs1206920	AIM	6	9867494	G	392	0.78	0.15	9.1E-02	G	290	0.86	0.18	4.2E-01	G	280	0.72	0.19	8.5E-02
rs12085417	BTG2	1	201543676	A	394	1.87	0.36	8.4E-02	A	292	1.92	0.41	1.1E-01	A	281	1.62	0.44	2.7E-01
rs12108750	CSNK1A1	5	148893811	A	394	1.06	0.17	7.3E-01	A	292	0.82	0.22	3.5E-01	A	281	1.30	0.21	2.1E-01
rs1211166	NTRK2	9	86475812	G	394	1.07	0.18	7.1E-01	G	292	1.00	0.23	1.0E+00	G	281	1.15	0.23	5.4E-01
rs12117581	RUNX3	1	25145396	A	394	0.65	0.42	3.1E-01	A	292	0.78	0.48	6.1E-01	A	281	0.45	0.63	2.0E-01
rs12118235	KCNK2	1	213415404	A	389	1.07	0.34	8.5E-01	A	288	1.06	0.40	8.8E-01	A	278	0.95	0.43	9.1E-01
rs12125484	AIM	1	92584784	G	394	1.06	0.15	7.0E-01	G	292	1.00	0.19	9.9E-01	G	281	1.09	0.20	6.8E-01
rs12125857	PLA2G4A	1	185196174	T	394	0.78	0.16	1.2E-01	T	292	0.77	0.20	2.0E-01	T	281	0.73	0.21	1.4E-01
rs1213266	PTGS1	9	124176705	A	388	0.46	0.28	6.8E-03	A	287	0.28	0.45	4.1E-03	A	277	0.72	0.32	3.2E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs12142663	ADORA3	1	111857096	G	393	0.81	0.16	1.8E-01	G	292	0.77	0.20	1.9E-01	G	280	0.80	0.20	2.6E-01
rs12145540	NTRK1	1	155084568	A	394	1.68	0.30	8.3E-02	A	292	1.76	0.35	1.1E-01	A	281	1.45	0.36	3.0E-01
rs12153765	GRIA1	5	152928447	A	394	1.03	0.25	9.0E-01	A	292	1.33	0.29	3.2E-01	A	281	0.67	0.37	2.7E-01
rs12154178	ESR1	6	152292773	C	393	0.93	0.16	6.6E-01	C	291	0.82	0.19	3.0E-01	C	280	1.05	0.19	8.1E-01
rs12163992	CSNK1A1	5	148889270	A	393	1.07	0.17	6.9E-01	A	291	0.82	0.22	3.7E-01	A	280	1.31	0.21	1.9E-01
rs12172554	MAPK1	22	20525075	T	392	1.22	0.36	5.9E-01	T	290	1.04	0.44	9.3E-01	T	280	1.32	0.45	5.3E-01
rs12201555	RUNX2	6	45402378	A	394	0.64	0.16	4.6E-03	A	292	0.56	0.20	3.7E-03	A	281	0.71	0.19	7.5E-02
rs12205523	RUNX2	6	45404596	C	393	0.63	0.16	3.9E-03	C	291	0.55	0.20	3.2E-03	C	280	0.70	0.19	6.8E-02
rs12205732	OPRM1	6	154400626	A	394	0.60	0.35	1.4E-01	A	292	0.40	0.50	7.0E-02	A	281	0.74	0.41	4.6E-01
rs12209785	RUNX2	6	45614100	G	394	1.28	0.16	1.2E-01	G	292	1.28	0.19	1.9E-01	G	281	1.32	0.20	1.7E-01
rs12238250	GRIN1	9	139166503	C	390	1.10	0.26	7.3E-01	C	288	0.99	0.32	9.8E-01	C	278	1.18	0.32	6.0E-01
rs12251292	CHUK	10	101981538	C	394	1.63	0.58	4.0E-01	C	292	2.24	0.62	1.9E-01	C	281	0.80	0.85	8.0E-01
rs12255069	PRKG1	10	53725967	T	394	1.04	0.28	8.9E-01	T	292	1.24	0.32	5.0E-01	T	281	0.80	0.39	5.6E-01
rs12258	VPS4A	16	67916417	A	393	1.63	0.30	1.1E-01	A	291	1.56	0.36	2.2E-01	A	281	1.88	0.36	7.9E-02
rs12267384	PRKG1	10	53562727	G	392	1.04	0.29	8.9E-01	G	290	0.81	0.39	5.9E-01	G	280	1.27	0.34	4.8E-01
rs12273363	BDNF	11	27701435	C	394	1.40	0.18	6.2E-02	C	292	1.26	0.22	2.9E-01	C	281	1.66	0.22	2.0E-02
rs12274033	ARRB1	11	74741703	C	393	0.85	0.29	5.7E-01	C	291	1.00	0.36	9.9E-01	C	281	0.92	0.38	8.2E-01
rs1227647	AIM	8	80291691	G	394	1.24	0.17	2.1E-01	G	292	1.22	0.20	3.2E-01	G	281	1.22	0.21	3.5E-01
rs1229434	TAC1	7	97203778	C	393	0.94	0.14	6.7E-01	C	291	1.10	0.18	6.1E-01	C	280	0.82	0.18	2.6E-01
rs1229502	CACNA2D1	7	81426572	A	394	1.11	0.16	5.2E-01	A	292	1.05	0.19	8.2E-01	A	281	1.15	0.20	5.0E-01
rs1229506	CACNA2D1	7	81439970	G	390	0.91	0.14	5.1E-01	G	288	0.89	0.16	4.9E-01	G	278	0.91	0.18	6.0E-01
rs12313915	AIM	12	83786783	T	394	1.24	0.15	1.6E-01	T	292	1.67	0.18	5.1E-03	T	281	0.94	0.19	7.6E-01
rs1236913	PTGS1	9	124173300	T	393	0.66	0.28	1.4E-01	T	292	0.55	0.38	1.1E-01	T	280	0.88	0.34	7.1E-01
rs12411052	KCNA2	1	110960053	G	394	0.71	0.28	2.1E-01	G	292	0.89	0.32	7.1E-01	G	281	0.44	0.41	4.6E-02
rs12415832	GRK5	10	121102317	A	394	1.78	0.64	3.7E-01	A	292	0.45	1.13	4.7E-01	A	281	3.17	0.66	8.0E-02
rs12421796	GRIA4	11	105028171	C	394	1.18	0.15	2.9E-01	C	292	1.10	0.19	6.0E-01	C	281	1.23	0.19	2.8E-01
rs12424271	SCN8A	12	50301235	A	394	1.05	0.21	8.3E-01	A	292	1.02	0.27	9.5E-01	A	281	1.06	0.27	8.2E-01
rs12439516	MAP2K1	15	64490530	T	394	0.65	0.24	7.4E-02	T	292	0.77	0.29	3.6E-01	T	281	0.51	0.33	4.5E-02
rs12440176	MAP2K1	15	64501432	G	394	0.65	0.24	7.4E-02	G	292	0.77	0.29	3.6E-01	G	281	0.51	0.33	4.5E-02
rs12451328	ACE	17	58950280	A	386	0.92	0.15	5.6E-01	A	286	0.99	0.18	9.6E-01	A	275	0.83	0.18	3.2E-01
rs12464239	ERBB4	2	212605149	T	394	0.94	0.24	8.1E-01	T	292	0.72	0.31	2.9E-01	T	281	1.17	0.29	5.9E-01
rs12469968	DPP4	2	162632163	G	386	1.12	0.14	4.3E-01	G	288	1.02	0.18	9.3E-01	G	276	1.22	0.18	2.6E-01
rs12471749	KCNJ3	2	155267957	C	393	1.18	0.15	2.7E-01	C	291	1.14	0.18	4.6E-01	C	280	1.23	0.18	2.7E-01
rs12489076	EPHB3	3	185761706	G	394	0.92	0.21	6.7E-01	G	292	0.89	0.26	6.6E-01	G	281	1.01	0.26	9.6E-01
rs12503643	ACSL1	4	185983082	T	394	0.86	0.15	3.3E-01	T	292	0.72	0.19	8.6E-02	T	281	1.07	0.18	7.3E-01
rs12507653	NPY1R	4	164473783	T	380	1.07	0.15	6.6E-01	T	280	1.08	0.18	6.5E-01	T	269	1.05	0.18	7.9E-01
rs12521436	NR3C1	5	142797800	A	394	0.84	0.19	3.4E-01	A	292	0.99	0.22	9.8E-01	A	281	0.73	0.25	2.0E-01
rs12532490	TAC1	7	97207327	C	393	1.04	0.19	8.2E-01	C	291	1.04	0.23	8.7E-01	C	281	1.09	0.24	7.1E-01
rs12538371	EGFR	7	55203514	C	394	1.42	0.22	1.1E-01	C	292	1.86	0.26	1.7E-02	C	281	1.13	0.29	6.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1254594	PTGER2	14	51857788	C	394	1.13	0.22	5.8E-01	C	292	1.13	0.27	6.6E-01	C	281	1.27	0.27	3.8E-01
rs1254600	PTGER2	14	51850203	A	394	1.15	0.19	4.5E-01	A	292	1.20	0.22	4.3E-01	A	281	1.18	0.24	4.9E-01
rs12559450	GRIA3	23	122153524	A	394	1.11	0.15	4.7E-01	A	292	1.08	0.18	6.5E-01	A	281	1.16	0.18	4.2E-01
rs1256030	ESR2	14	63816923	A	394	1.10	0.14	4.9E-01	A	292	0.91	0.17	5.9E-01	A	281	1.27	0.17	1.5E-01
rs1256044	ESR2	14	63803780	G	393	1.11	0.14	4.5E-01	G	291	0.95	0.17	7.4E-01	G	281	1.27	0.17	1.6E-01
rs1256061	ESR2	14	63773346	T	394	0.97	0.14	8.4E-01	T	292	1.11	0.17	5.4E-01	T	281	0.87	0.17	4.2E-01
rs1256120	ESR2	14	63874754	G	394	0.74	0.22	1.6E-01	G	292	0.69	0.27	1.7E-01	G	281	0.78	0.27	3.6E-01
rs12595448	AIM	15	53691382	C	394	1.09	0.15	5.9E-01	C	292	1.02	0.19	9.2E-01	C	281	1.24	0.19	2.6E-01
rs12598139	GRIN2A	16	9774091	T	394	0.85	0.14	2.4E-01	T	292	0.84	0.17	2.9E-01	T	281	0.86	0.18	4.0E-01
rs12612207	NTSR2	2	11724667	C	394	0.90	0.14	4.8E-01	C	292	0.94	0.18	7.4E-01	C	281	0.95	0.18	7.6E-01
rs12613135	DBI	2	119838810	C	394	0.80	0.15	1.5E-01	C	292	0.74	0.19	1.3E-01	C	281	0.84	0.19	3.5E-01
rs12618959	AIM	2	33017154	A	394	0.94	0.15	7.0E-01	A	292	1.00	0.19	9.9E-01	A	281	0.90	0.19	5.7E-01
rs12619626	SCN2A	2	165856992	G	394	0.90	0.16	5.1E-01	G	292	1.12	0.20	5.7E-01	G	281	0.71	0.22	1.2E-01
rs12627968	ADRBK2	22	24456015	C	394	0.85	0.15	2.5E-01	C	292	0.75	0.18	1.1E-01	C	281	0.96	0.18	8.4E-01
rs12632942	SCN10A	3	38740002	G	393	1.12	0.17	5.2E-01	G	291	1.22	0.21	3.3E-01	G	280	1.04	0.21	8.6E-01
rs12635515	MME	3	156334521	G	394	1.01	0.15	9.4E-01	G	292	0.95	0.18	7.6E-01	G	281	1.09	0.19	6.4E-01
rs12642938	UGT2B7	4	70010806	C	394	0.96	0.14	7.7E-01	C	292	0.94	0.18	7.1E-01	C	281	1.02	0.18	9.1E-01
rs12644851	AIM	4	159827612	A	394	0.97	0.14	8.3E-01	A	292	1.05	0.17	7.7E-01	A	281	0.92	0.17	6.4E-01
rs12658202	GRIA1	5	152959747	C	394	0.92	0.14	5.7E-01	C	292	0.97	0.18	8.6E-01	C	281	0.90	0.18	5.5E-01
rs12660296	OPRM1	6	154502966	C	394	1.04	0.17	8.0E-01	C	292	1.13	0.20	5.3E-01	C	281	0.90	0.21	6.2E-01
rs12666409	DDC	7	50602470	A	393	1.16	0.17	3.8E-01	A	291	1.35	0.20	1.3E-01	A	280	0.98	0.21	9.1E-01
rs12668047	AKR1B10	7	133915366	A	394	1.17	0.57	7.8E-01	A	292	1.85	0.64	3.4E-01	A	281	0.80	0.85	8.0E-01
rs12674036	EGFR	7	55050856	T	394	0.76	0.16	8.4E-02	T	292	0.64	0.20	2.9E-02	T	281	0.90	0.20	6.1E-01
rs12678324	AIM	8	16833064	T	393	0.90	0.22	6.4E-01	T	291	0.89	0.28	6.7E-01	T	280	1.01	0.28	9.8E-01
rs12680126	STAU2	8	74638998	A	394	1.09	0.21	6.7E-01	A	292	1.28	0.25	3.2E-01	A	281	0.85	0.28	5.5E-01
rs12702072	CAMK2B	7	44269554	G	394	0.80	0.15	1.4E-01	G	292	0.86	0.18	4.2E-01	G	281	0.70	0.19	6.3E-02
rs12702079	CAMK2B	7	44323312	A	394	1.32	0.14	5.1E-02	A	292	1.31	0.17	1.1E-01	A	281	1.37	0.18	7.3E-02
rs12710567	AGTR2	23	115215880	C	394	1.29	0.36	4.8E-01	C	292	1.59	0.43	2.8E-01	C	281	1.09	0.46	8.6E-01
rs12718939	EGFR	7	55072814	A	390	1.01	0.16	9.6E-01	A	288	1.00	0.19	9.9E-01	A	278	1.09	0.20	6.8E-01
rs12720071	CNR1	6	88907900	C	394	0.64	0.26	8.1E-02	C	292	0.63	0.32	1.5E-01	C	281	0.70	0.33	2.7E-01
rs12720707	PLA2G4A	1	185224619	A	394	1.04	0.29	8.9E-01	A	292	1.04	0.34	9.1E-01	A	281	0.93	0.36	8.4E-01
rs12732926	EPHB2	1	22929777	A	392	1.02	0.15	8.8E-01	A	290	0.90	0.18	5.4E-01	A	280	1.19	0.19	3.6E-01
rs12736	ATP6V1A	3	115012901	C	394	1.18	0.15	2.8E-01	C	292	1.30	0.19	1.6E-01	C	281	1.14	0.19	5.0E-01
rs12744240	ADORA1	1	201402297	T	394	0.75	0.31	3.6E-01	T	292	0.99	0.35	9.7E-01	T	281	0.47	0.49	1.3E-01
rs12762869	CHUK	10	101983702	A	394	0.80	0.39	5.7E-01	A	292	0.53	0.56	2.6E-01	A	281	1.15	0.44	7.5E-01
rs12765	MME	3	156383384	G	394	0.95	0.15	7.1E-01	G	292	1.05	0.19	8.1E-01	G	281	0.93	0.20	7.0E-01
rs12775433	CPN1	10	101824082	T	394	0.74	0.15	3.8E-02	T	292	0.73	0.18	6.9E-02	T	281	0.76	0.18	1.3E-01
rs12780837	GRK5	10	121140883	A	389	1.02	0.16	9.2E-01	A	289	1.04	0.19	8.3E-01	A	276	0.97	0.21	9.0E-01
rs12787775	P2RY6	11	72652865	T	392	0.99	0.19	9.7E-01	T	291	1.19	0.24	4.7E-01	T	280	0.96	0.26	8.8E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs12807961	CAT	11	34412684	G	393	0.94	0.15	6.9E-01	G	291	0.92	0.19	6.4E-01	G	281	0.99	0.19	9.7E-01
rs12821878	IGF1	12	101391797	A	394	0.90	0.18	5.4E-01	A	292	0.84	0.22	4.2E-01	A	281	0.97	0.22	8.7E-01
rs12838742	HTR2C	23	113759467	C	394	1.27	0.15	1.1E-01	C	292	1.29	0.18	1.7E-01	C	281	1.26	0.19	2.2E-01
rs12848910	CYBB	23	37551189	G	393	0.87	0.26	5.8E-01	G	291	0.97	0.32	9.3E-01	G	280	0.72	0.35	3.4E-01
rs1286813	INADL	1	62061661	G	394	1.07	0.15	6.5E-01	G	292	0.95	0.19	7.8E-01	G	281	1.29	0.18	1.7E-01
rs1286823	INADL	1	62029624	C	394	1.34	0.21	1.7E-01	C	292	1.12	0.27	6.9E-01	C	281	1.58	0.25	6.7E-02
rs1286831	INADL	1	62044550	A	394	1.00	0.18	1.0E+00	A	292	0.89	0.23	6.1E-01	A	281	1.14	0.22	5.6E-01
rs12910925	GABRB3	15	24767181	T	390	0.94	0.14	6.6E-01	T	289	1.03	0.17	8.6E-01	T	279	0.78	0.18	1.8E-01
rs12936240	TRPV2	17	16271644	T	392	0.89	0.16	4.4E-01	T	290	0.87	0.20	4.7E-01	T	281	0.94	0.19	7.6E-01
rs12936511	CRHR1	17	41240182	T	394	1.19	0.34	6.1E-01	T	292	0.91	0.44	8.4E-01	T	281	1.54	0.39	2.7E-01
rs1294094	OPRM1	6	154372498	A	390	0.74	0.14	3.6E-02	A	289	0.79	0.17	1.6E-01	A	277	0.69	0.18	4.2E-02
rs12942300	CRHR1	17	41215168	A	393	0.95	0.20	7.9E-01	A	291	1.03	0.24	9.1E-01	A	281	0.95	0.26	8.4E-01
rs1295683	IL13	5	132026775	A	390	0.79	0.22	2.8E-01	A	289	0.76	0.27	3.1E-01	A	278	0.80	0.28	4.4E-01
rs1295686	IL13	5	132023742	T	393	0.88	0.17	4.4E-01	T	291	0.94	0.21	7.4E-01	T	280	0.87	0.21	5.1E-01
rs12993173	SCN2A	2	165891460	G	394	0.98	0.14	8.9E-01	G	292	1.20	0.17	2.9E-01	G	281	0.83	0.18	2.8E-01
rs12995889	ERBB4	2	212759008	G	384	0.80	0.30	4.6E-01	G	285	0.78	0.38	5.1E-01	G	273	0.88	0.38	7.5E-01
rs130058	HTR1B	6	78230000	A	394	0.87	0.15	3.6E-01	A	292	0.73	0.19	1.0E-01	A	281	1.00	0.19	9.9E-01
rs13011371	SCN3A	2	165720877	G	394	0.83	0.15	2.2E-01	G	292	0.75	0.18	1.1E-01	G	281	0.94	0.18	7.4E-01
rs13025009	SCN2A	2	165878319	G	394	1.13	0.18	4.8E-01	G	292	0.91	0.22	6.8E-01	G	281	1.28	0.21	2.5E-01
rs13029910	PPP3R1	2	68287849	C	394	0.95	0.17	7.4E-01	C	292	0.95	0.20	8.1E-01	C	281	0.93	0.21	7.2E-01
rs13035133	ERBB4	2	212363062	C	393	0.94	0.15	7.0E-01	C	291	0.80	0.19	2.3E-01	C	281	1.13	0.18	5.1E-01
rs13054361	CSNK1E	22	37062770	A	394	1.07	0.25	8.0E-01	A	292	1.03	0.31	9.4E-01	A	281	1.15	0.31	6.5E-01
rs130654	PDGFB	22	37972600	G	394	1.11	0.15	4.9E-01	G	292	1.07	0.19	7.1E-01	G	281	1.16	0.19	4.4E-01
rs13065862	GRK7	3	143001558	A	394	1.58	0.21	3.2E-02	A	292	1.42	0.25	1.7E-01	A	281	1.74	0.25	2.9E-02
rs13107066	GABRB1	4	47073452	G	394	0.99	0.14	9.4E-01	G	292	1.12	0.17	5.1E-01	G	281	0.87	0.18	4.6E-01
rs13112568	ACSL1	4	185967293	A	394	0.86	0.15	3.0E-01	A	292	0.84	0.18	3.5E-01	A	281	0.80	0.19	2.5E-01
rs13134663	AIM	4	110060008	G	394	0.98	0.14	8.9E-01	G	292	0.93	0.17	6.8E-01	G	281	1.00	0.17	1.0E+00
rs13171967	ADRA1B	5	159310737	T	394	1.37	0.17	6.6E-02	T	292	1.20	0.20	3.7E-01	T	281	1.62	0.21	2.1E-02
rs13184089	CSNK1A1	5	148912761	C	394	1.22	0.14	1.7E-01	C	292	1.07	0.17	6.9E-01	C	281	1.34	0.18	1.1E-01
rs1318720	EPHB2	1	22939099	C	386	0.94	0.14	6.7E-01	C	288	1.13	0.17	4.9E-01	C	273	0.71	0.19	6.4E-02
rs13191001	OPRM1	6	154671959	G	394	0.72	0.37	3.7E-01	G	292	0.80	0.43	6.0E-01	G	281	0.56	0.51	2.6E-01
rs1319339	OPRM1	6	154372877	C	394	1.27	0.20	2.4E-01	C	292	1.27	0.23	3.1E-01	C	281	1.23	0.25	4.1E-01
rs13193952	OPRM1	6	154600769	A	394	1.23	0.16	1.9E-01	A	292	1.41	0.18	6.3E-02	A	281	1.03	0.21	8.9E-01
rs1321099	SLC32A1	20	36792059	G	391	1.41	0.25	1.7E-01	G	290	1.87	0.28	2.7E-02	G	279	0.98	0.34	9.5E-01
rs1322183	SLC32A1	20	36791688	G	391	1.27	0.15	1.1E-01	G	289	1.41	0.18	5.7E-02	G	280	1.19	0.19	3.6E-01
rs13261054	ADRA1A	8	26722962	T	391	0.95	0.16	7.2E-01	T	289	0.98	0.18	9.1E-01	T	279	0.91	0.20	6.5E-01
rs13270252	ADRA1A	8	26678379	T	390	1.21	0.31	5.4E-01	T	289	1.39	0.35	3.6E-01	T	278	1.01	0.40	9.8E-01
rs13271367	PPP3CC	8	22380522	G	394	0.93	0.15	6.1E-01	G	292	1.07	0.18	7.3E-01	G	281	0.77	0.19	1.7E-01
rs13281802	ADRA1A	8	26658328	T	394	1.08	0.28	7.8E-01	T	292	1.32	0.32	3.8E-01	T	281	0.81	0.38	5.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1329119	GBP2	1	89346614	G	394	1.01	0.15	9.4E-01	G	292	0.87	0.18	4.6E-01	G	281	1.09	0.19	6.5E-01
rs13296	HSP90AB1	6	44326098	A	394	1.18	0.15	2.6E-01	A	292	1.29	0.18	1.7E-01	A	281	1.11	0.19	5.7E-01
rs13303344	GABRD	1	1938260	C	394	0.92	0.16	5.9E-01	C	292	1.04	0.19	8.5E-01	C	281	0.93	0.20	7.0E-01
rs1330581	GAD2	10	26568841	G	394	0.99	0.16	9.4E-01	G	292	1.11	0.19	5.8E-01	G	281	0.85	0.20	4.0E-01
rs13306006	NPY1R	4	164473165	T	394	0.87	0.53	7.9E-01	T	292	1.03	0.64	9.6E-01	T	281	0.86	0.70	8.3E-01
rs1332631	INADL	1	62268948	C	394	1.27	0.15	1.0E-01	C	292	1.38	0.18	7.5E-02	C	281	1.16	0.19	4.3E-01
rs1332636	INADL	1	62148565	A	394	1.16	0.16	3.7E-01	A	292	1.22	0.20	3.1E-01	A	281	1.08	0.21	7.3E-01
rs13357922	CAMK2A	5	149628189	T	394	1.03	0.15	8.2E-01	T	292	0.92	0.18	6.3E-01	T	281	1.18	0.19	3.7E-01
rs1336978	AIM	10	108849094	C	394	1.15	0.14	3.2E-01	C	292	1.14	0.18	4.6E-01	C	281	1.18	0.18	3.6E-01
rs1337912	ADORA3	1	111888861	C	393	1.06	0.14	6.8E-01	C	291	1.03	0.17	8.6E-01	C	281	1.08	0.17	6.6E-01
rs13390226	ERBB4	2	212448106	A	393	1.48	0.32	2.2E-01	A	291	1.42	0.37	3.4E-01	A	280	1.39	0.40	4.1E-01
rs1339408	KCNK2	1	213432681	A	394	1.23	0.33	5.2E-01	A	292	1.42	0.38	3.5E-01	A	281	1.21	0.42	6.5E-01
rs1339409	KCNK2	1	213438268	A	394	1.17	0.33	6.2E-01	A	292	1.30	0.39	4.9E-01	A	281	1.21	0.42	6.5E-01
rs13402180	SCN9A	2	166853241	C	393	0.94	0.15	6.7E-01	C	291	1.16	0.18	4.0E-01	C	280	0.76	0.19	1.5E-01
rs13411202	TRPM8	2	234548882	G	392	1.07	0.16	6.9E-01	G	291	0.82	0.19	3.2E-01	G	279	1.41	0.20	9.3E-02
rs1342018	ANXA1	9	74971951	A	394	1.11	0.14	4.8E-01	A	292	1.15	0.18	4.2E-01	A	281	1.01	0.18	9.6E-01
rs1344079	ADRBK2	22	24422958	A	394	1.08	0.38	8.5E-01	A	292	0.62	0.56	4.0E-01	A	281	1.45	0.42	3.7E-01
rs1345424	GRIN2A	16	10158160	C	393	0.91	0.15	5.2E-01	C	291	1.06	0.18	7.5E-01	C	280	0.78	0.19	2.0E-01
rs1345485	GRIN2B	12	14013497	C	393	1.15	0.53	7.9E-01	C	292	0.92	0.65	9.0E-01	C	280	1.38	0.66	6.3E-01
rs1346489	GLRA1	5	151246727	T	394	1.01	0.16	9.4E-01	T	292	0.90	0.19	5.9E-01	T	281	1.10	0.20	6.3E-01
rs1347201	AIM	8	16581855	T	394	0.83	0.14	1.9E-01	T	292	0.80	0.17	1.7E-01	T	281	0.84	0.18	3.2E-01
rs1348161	PPP3CA	4	102471719	T	394	0.93	0.16	6.3E-01	T	292	0.94	0.19	7.6E-01	T	281	0.87	0.20	4.8E-01
rs1349492	DDC	7	50513953	G	394	1.06	0.15	7.1E-01	G	292	1.15	0.18	4.3E-01	G	281	0.96	0.19	8.3E-01
rs1352250	TPH2	12	70684051	A	394	0.91	0.14	4.8E-01	A	292	0.87	0.17	4.3E-01	A	281	1.00	0.18	9.9E-01
rs1353410	PTGER2	14	51851091	T	389	0.67	0.38	2.8E-01	T	288	0.58	0.49	2.7E-01	T	278	0.77	0.46	5.7E-01
rs1353446	ADRA1A	8	26731847	A	394	1.05	0.16	7.5E-01	A	292	0.98	0.19	9.0E-01	A	281	1.11	0.20	6.0E-01
rs1353939	NOS1	12	116159736	T	394	0.94	0.18	7.1E-01	T	292	1.26	0.21	2.7E-01	T	281	0.56	0.26	3.1E-02
rs1357335	ZFAND6	15	78155918	T	389	0.96	0.14	7.9E-01	T	289	1.16	0.17	3.8E-01	T	276	0.69	0.19	5.6E-02
rs135750	CSNK1E	22	37016181	G	393	0.93	0.19	6.8E-01	G	291	0.90	0.23	6.3E-01	G	280	0.88	0.24	6.0E-01
rs135757	CSNK1E	22	37033599	A	390	0.95	0.16	7.5E-01	A	289	1.38	0.19	8.6E-02	A	278	0.54	0.24	1.1E-02
rs1358312	PPP3CA	4	102190474	T	394	1.20	0.18	3.2E-01	T	292	0.96	0.24	8.7E-01	T	281	1.48	0.22	7.6E-02
rs1363673	GRIA1	5	153003358	G	394	0.94	0.15	6.6E-01	G	292	0.98	0.17	9.1E-01	G	281	0.91	0.19	6.2E-01
rs1363697	GABRB2	5	160741380	C	394	1.02	0.18	9.3E-01	C	292	0.83	0.22	3.9E-01	C	281	1.18	0.22	4.6E-01
rs1365872	HNRNPD	4	83507899	T	394	1.10	0.31	7.5E-01	T	292	1.08	0.37	8.4E-01	T	281	1.01	0.39	9.8E-01
rs1366638	SLC1A3	5	36652292	A	394	0.94	0.15	7.0E-01	A	292	0.97	0.18	8.8E-01	A	281	0.92	0.20	6.5E-01
rs1368928	AIM	2	8668914	A	394	0.92	0.15	6.0E-01	A	292	1.00	0.19	1.0E+00	A	281	0.86	0.19	4.3E-01
rs1375164	AIM	15	25965407	T	394	1.24	0.17	2.1E-01	T	292	1.33	0.21	1.7E-01	T	281	1.30	0.21	2.1E-01
rs1382507	TMSB10	2	84988991	C	393	1.17	0.20	4.4E-01	C	291	1.19	0.24	4.7E-01	C	280	1.11	0.25	6.6E-01
rs1383914	ADRA1A	8	26778966	C	375	1.12	0.15	4.4E-01	C	278	1.11	0.18	5.9E-01	C	266	1.12	0.19	5.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1384292	ERBB4	2	213110886	C	387	0.76	0.15	6.4E-02	C	287	0.72	0.18	6.4E-02	C	276	0.81	0.19	2.6E-01
rs1386492	TPH2	12	70648532	C	394	0.74	0.20	1.2E-01	C	292	0.68	0.25	1.2E-01	C	281	0.84	0.24	4.6E-01
rs1386496	TPH2	12	70637057	G	394	0.75	0.22	1.9E-01	G	292	0.67	0.28	1.6E-01	G	281	0.86	0.27	5.7E-01
rs1388628	P2RY13	3	152527936	G	394	0.91	0.17	5.6E-01	G	292	0.99	0.20	9.4E-01	G	281	0.87	0.21	5.0E-01
rs13900	CCL2	17	29608024	T	394	0.94	0.16	6.9E-01	T	292	0.82	0.20	3.2E-01	T	281	1.07	0.20	7.3E-01
rs1394785	ERBB4	2	212919219	G	394	0.88	0.15	4.1E-01	G	292	0.84	0.18	3.5E-01	G	281	0.85	0.19	3.8E-01
rs1397529	AIM	4	144611612	C	388	1.05	0.15	7.4E-01	C	288	0.90	0.19	5.8E-01	C	277	1.25	0.19	2.5E-01
rs1401635	BDNF	11	27650567	C	393	1.47	0.16	1.8E-02	C	291	1.28	0.19	2.1E-01	C	281	1.75	0.20	5.4E-03
rs1402851	AIM	8	84417952	T	394	1.27	0.22	2.8E-01	T	292	1.27	0.28	3.9E-01	T	281	1.29	0.27	3.4E-01
rs1403543	AGTR2	23	115216220	G	394	0.96	0.15	7.6E-01	G	292	1.03	0.18	8.9E-01	G	281	0.85	0.19	3.8E-01
rs140674	GABRG3	15	25156714	C	394	1.13	0.49	8.1E-01	C	292	1.49	0.53	4.6E-01	C	281	0.57	0.81	4.9E-01
rs140679	GABRG3	15	25446271	C	393	1.07	0.14	6.3E-01	C	292	1.10	0.17	5.5E-01	C	280	1.04	0.18	8.2E-01
rs140700	SLC6A4	17	25567515	T	394	1.78	0.24	1.6E-02	T	292	1.56	0.29	1.2E-01	T	281	1.84	0.28	3.1E-02
rs140701	SLC6A4	17	25562658	T	394	0.76	0.14	4.9E-02	T	292	0.82	0.17	2.5E-01	T	281	0.75	0.18	1.1E-01
rs1409351	PRKG1	10	52956847	G	393	1.00	0.15	9.9E-01	G	291	1.07	0.18	7.1E-01	G	280	0.93	0.19	7.0E-01
rs1409978	PTGER3	1	71125692	C	391	0.87	0.17	4.1E-01	C	289	0.85	0.21	4.6E-01	C	279	0.90	0.22	6.2E-01
rs1409986	PTGER3	1	71104086	A	394	1.06	0.24	8.1E-01	A	292	1.04	0.30	8.9E-01	A	281	1.12	0.32	7.2E-01
rs1410082	NTRK1	1	155108298	A	393	1.24	0.39	5.7E-01	A	291	2.53	0.44	3.5E-02	A	280	0.59	0.67	4.3E-01
rs14134	NFKBIZ	3	103058865	T	394	0.86	0.16	3.5E-01	T	292	0.86	0.19	4.2E-01	T	281	0.83	0.20	3.4E-01
rs1413582	GRK5	10	121122182	T	394	1.32	0.15	6.5E-02	T	292	1.46	0.18	4.0E-02	T	281	1.23	0.18	2.6E-01
rs14138	PRKCE	2	46267950	A	393	1.15	0.19	4.6E-01	A	291	0.94	0.24	7.9E-01	A	280	1.37	0.23	1.7E-01
rs1422256	CACNA1A	19	13468971	C	394	1.10	0.15	5.4E-01	C	292	1.07	0.19	7.1E-01	C	281	1.17	0.19	4.3E-01
rs1422889	GRIA1	5	152996726	A	394	1.20	0.20	3.7E-01	A	292	1.11	0.24	6.7E-01	A	281	1.40	0.25	1.8E-01
rs14240	SLC18A2	10	119027061	T	385	1.23	0.14	1.5E-01	T	284	1.03	0.17	8.7E-01	T	275	1.51	0.18	2.2E-02
rs1424569	CHRM2	7	136219956	T	390	0.77	0.14	6.6E-02	T	288	0.72	0.18	6.3E-02	T	278	0.88	0.18	4.5E-01
rs1425910	OPRK1	8	54299512	G	394	0.91	0.17	5.6E-01	G	292	0.94	0.20	7.7E-01	G	281	0.93	0.21	7.2E-01
rs1428155	GLRA1	5	151261826	C	394	1.04	0.15	7.7E-01	C	292	1.00	0.18	9.9E-01	C	281	1.10	0.18	6.0E-01
rs1432622	ADRB2	5	148183955	T	391	1.12	0.14	4.4E-01	T	290	1.08	0.17	6.6E-01	T	278	1.23	0.17	2.4E-01
rs1436633	MME	3	156349147	C	393	1.07	0.15	6.7E-01	C	291	1.02	0.18	9.4E-01	C	281	1.12	0.19	5.5E-01
rs1437135	NQO1	16	68315329	G	394	0.98	0.19	9.3E-01	G	292	0.78	0.24	2.8E-01	G	281	1.16	0.24	5.4E-01
rs1437277	PENK	8	57519288	T	394	0.87	0.17	4.0E-01	T	292	0.87	0.20	5.0E-01	T	281	0.80	0.22	3.2E-01
rs1439009	P2RY1	3	154034515	T	394	0.69	0.33	2.6E-01	T	292	0.70	0.40	3.7E-01	T	281	0.68	0.43	3.6E-01
rs1439993	SCN3A	2	165661828	C	392	1.03	0.18	8.5E-01	C	290	0.95	0.22	8.2E-01	C	279	1.17	0.22	4.6E-01
rs144173	EPHB4	7	100254186	A	394	1.36	0.15	4.9E-02	A	292	1.34	0.19	1.2E-01	A	281	1.40	0.19	7.6E-02
rs1442060	GABRA2	4	46060824	A	391	1.06	0.15	7.2E-01	A	290	0.98	0.18	9.0E-01	A	279	1.17	0.19	4.1E-01
rs1442062	GABRA2	4	46071833	A	393	1.18	0.16	3.1E-01	A	291	1.05	0.20	8.0E-01	A	280	1.31	0.21	2.0E-01
rs1444893	AIM	4	82602473	T	394	0.95	0.19	7.8E-01	T	292	0.77	0.23	2.6E-01	T	281	1.03	0.23	8.9E-01
rs1445604	GRIA4	11	105003305	G	394	1.01	0.14	9.4E-01	G	292	1.00	0.17	9.9E-01	G	281	1.03	0.18	8.6E-01
rs1445607	GRIA4	11	105061217	C	394	0.94	0.14	6.7E-01	C	292	1.05	0.18	7.7E-01	C	281	0.86	0.18	4.0E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1445652	KCNJ3	2	155376706	A	393	1.08	0.18	6.8E-01	A	291	1.04	0.22	8.5E-01	A	280	1.23	0.22	3.6E-01
rs1446959	AIM	1	157873428	A	393	1.03	0.15	8.2E-01	A	291	1.06	0.17	7.4E-01	A	280	0.99	0.19	9.4E-01
rs1448239	GRIN2A	16	10094936	C	394	0.87	0.20	4.8E-01	C	292	0.88	0.25	6.2E-01	C	281	0.90	0.25	6.6E-01
rs1454102	ANXA2	15	58479785	C	393	1.08	0.16	6.1E-01	C	291	1.00	0.19	9.8E-01	C	280	1.22	0.19	3.1E-01
rs1461193	SCN1A	2	166612592	G	394	1.23	0.15	1.8E-01	G	292	0.96	0.20	8.4E-01	G	281	1.50	0.18	2.7E-02
rs1461195	SCN1A	2	166574044	G	394	0.89	0.20	5.5E-01	G	292	1.04	0.24	8.6E-01	G	281	0.84	0.26	5.2E-01
rs1461197	SCN1A	2	166632718	A	393	0.77	0.15	7.9E-02	A	291	0.80	0.19	2.4E-01	A	280	0.75	0.19	1.4E-01
rs1461227	GRIA1	5	153149787	T	393	0.76	0.20	1.7E-01	T	291	0.69	0.25	1.3E-01	T	281	0.83	0.25	4.5E-01
rs1463748	GRIA1	5	152893595	T	394	0.89	0.14	4.1E-01	T	292	0.90	0.17	5.4E-01	T	281	0.88	0.17	4.5E-01
rs1466684	P2RY13	3	152528998	G	394	1.34	0.19	1.3E-01	G	292	1.11	0.25	6.8E-01	G	281	1.66	0.23	3.0E-02
rs1467116	ACCN4	2	220097599	C	393	1.19	0.15	2.3E-01	C	291	1.17	0.18	3.8E-01	C	280	1.21	0.19	3.2E-01
rs1467913	CACNA2D2	3	50500021	A	393	0.99	0.20	9.4E-01	A	292	0.90	0.24	6.7E-01	A	280	1.06	0.24	8.0E-01
rs1469442	CAMK4	5	110603980	C	392	0.98	0.14	8.9E-01	C	290	1.02	0.17	8.9E-01	C	280	0.96	0.18	8.1E-01
rs1473799	GRK5	10	121052697	G	394	1.05	0.14	7.2E-01	G	292	1.15	0.17	4.1E-01	G	281	0.95	0.18	7.6E-01
rs1475563	INADL	1	62352411	G	394	1.13	0.16	4.3E-01	G	292	1.07	0.19	7.4E-01	G	281	1.27	0.20	2.3E-01
rs1487275	TPH2	12	70696559	C	394	0.86	0.15	3.3E-01	C	292	0.77	0.20	1.8E-01	C	281	1.01	0.19	9.4E-01
rs1487276	TPH2	12	70691326	T	394	0.84	0.19	3.8E-01	T	292	0.70	0.25	1.5E-01	T	281	1.09	0.23	7.1E-01
rs1488299	AIM	4	26870541	T	393	0.86	0.15	3.0E-01	T	291	0.77	0.18	1.6E-01	T	280	0.99	0.19	9.5E-01
rs1490406	NTRK2	9	86812159	C	385	1.06	0.10	5.7E-01	C	283	1.06	0.13	6.7E-01	C	276	1.09	0.13	4.8E-01
rs1491961	CCR1	3	46225352	T	394	1.00	0.17	1.0E+00	T	292	0.99	0.20	9.8E-01	T	281	0.96	0.21	8.4E-01
rs1491980	P2RY13	3	152528351	G	393	1.31	0.19	1.6E-01	G	291	1.06	0.26	8.3E-01	G	280	1.65	0.23	3.2E-02
rs1492078	AGTR1	3	149897867	T	387	0.91	0.15	5.2E-01	T	289	0.80	0.18	2.1E-01	T	275	1.10	0.19	6.3E-01
rs1493383	GRIA1	5	152971591	T	394	0.92	0.18	6.4E-01	T	292	1.02	0.22	9.2E-01	T	281	0.82	0.24	4.2E-01
rs1494490	ADORA1	1	201341253	C	394	1.00	0.15	1.0E+00	C	292	1.14	0.18	4.9E-01	C	281	0.86	0.19	4.5E-01
rs1495099	PPP1R1B	17	35037990	C	388	0.83	0.15	2.3E-01	C	288	0.97	0.19	8.7E-01	C	277	0.75	0.20	1.5E-01
rs1495946	HNRNPU	1	243080430	A	394	0.82	0.23	3.7E-01	A	292	0.85	0.27	5.4E-01	A	281	0.78	0.29	3.8E-01
rs1497366	ACCN1	17	28636866	G	394	0.87	0.14	3.3E-01	G	292	1.07	0.17	7.1E-01	G	281	0.71	0.18	5.8E-02
rs1502593	SCD	10	102099192	A	394	0.97	0.15	8.3E-01	A	292	0.86	0.18	4.0E-01	A	281	1.16	0.19	4.3E-01
rs1503079	AIM	3	106241722	T	394	0.95	0.14	7.2E-01	T	292	0.95	0.17	7.8E-01	T	281	0.99	0.19	9.5E-01
rs1507086	AIM	4	41651170	C	393	0.75	0.16	8.2E-02	C	291	0.83	0.19	3.2E-01	C	280	0.60	0.22	2.3E-02
rs150846	TRPV1	17	3441617	A	394	0.92	0.15	5.6E-01	A	292	0.86	0.18	4.2E-01	A	281	1.08	0.18	6.9E-01
rs150908	TRPV1	17	3431117	A	394	1.17	0.14	2.7E-01	A	292	1.24	0.17	2.1E-01	A	281	1.13	0.18	4.9E-01
rs1511802	KLKB1	4	187387800	C	394	1.42	0.15	2.2E-02	C	292	1.36	0.18	9.6E-02	C	281	1.39	0.19	7.8E-02
rs1514280	ACE2	23	15496369	A	394	1.04	0.15	7.7E-01	A	292	1.16	0.17	3.8E-01	A	281	0.89	0.19	5.3E-01
rs1514348	ESR1	6	152224008	G	393	1.39	0.14	2.4E-02	G	291	1.33	0.17	9.8E-02	G	281	1.44	0.18	4.9E-02
rs1514626	AIM	8	132834923	T	394	1.02	0.21	9.2E-01	T	292	1.02	0.25	9.4E-01	T	281	0.99	0.26	9.7E-01
rs1518111	IL10	1	205011268	T	393	1.05	0.17	7.6E-01	T	291	1.12	0.21	5.9E-01	T	280	1.13	0.22	5.9E-01
rs1519260	AIM	3	137062756	C	394	1.05	0.14	7.3E-01	C	292	1.00	0.17	9.9E-01	C	281	1.13	0.18	4.9E-01
rs1522984	PRKCE	2	45794083	A	394	1.08	0.16	6.4E-01	A	292	1.16	0.18	4.3E-01	A	281	0.96	0.21	8.5E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1528880	PRKG1	10	53706515	A	394	0.96	0.27	8.9E-01	A	292	1.14	0.31	6.7E-01	A	281	0.73	0.38	4.2E-01
rs153050	VPS4A	16	67907239	T	385	1.04	0.16	7.8E-01	T	284	1.06	0.19	7.7E-01	T	273	0.95	0.19	7.9E-01
rs1532052	AIM	12	53647581	G	393	1.29	0.18	1.6E-01	G	291	1.07	0.23	7.6E-01	G	281	1.66	0.23	2.5E-02
rs1532397	HNRNPU	1	243095775	A	394	0.95	0.15	7.1E-01	A	292	1.02	0.18	9.0E-01	A	281	0.87	0.19	4.6E-01
rs1533476	PRKCE	2	45834615	T	394	0.81	0.16	1.7E-01	T	292	0.69	0.19	4.8E-02	T	281	0.95	0.19	7.7E-01
rs1533499	GRK7	3	142979664	G	394	0.93	0.15	6.1E-01	G	292	0.88	0.18	4.8E-01	G	281	0.87	0.19	4.7E-01
rs1534891	CSNK1E	22	37025045	T	394	1.09	0.20	6.8E-01	T	292	1.49	0.23	8.5E-02	T	281	0.70	0.29	2.2E-01
rs1538956	AIM	6	127005719	T	393	1.02	0.14	8.8E-01	T	291	1.08	0.17	6.6E-01	T	280	0.93	0.18	6.7E-01
rs1539019	NLRP3	1	245666924	A	393	1.14	0.15	3.7E-01	A	291	1.50	0.18	2.7E-02	A	280	0.88	0.18	4.9E-01
rs1540310	KCNS1	20	43153399	G	390	0.90	0.14	4.4E-01	G	289	0.96	0.17	8.1E-01	G	280	0.77	0.18	1.3E-01
rs1542466	EREG	4	75474999	G	394	0.87	0.17	4.1E-01	G	292	0.84	0.20	4.0E-01	G	281	0.79	0.21	2.7E-01
rs1544325	COMT	22	18311668	A	392	1.08	0.14	5.8E-01	A	291	1.00	0.17	9.9E-01	A	280	1.20	0.18	3.2E-01
rs1548904	SLC6A13	12	242643	A	394	0.84	0.15	2.4E-01	A	292	0.87	0.18	4.5E-01	A	281	0.78	0.18	1.8E-01
rs1549339	HTR2B	2	231691070	A	394	1.12	0.15	4.4E-01	A	292	1.14	0.18	4.7E-01	A	281	1.09	0.19	6.5E-01
rs1549758	NOS3	7	150326659	T	386	0.98	0.16	9.1E-01	T	287	1.03	0.19	8.6E-01	T	276	0.91	0.20	6.3E-01
rs1550798	KCNJ3	2	155387083	A	392	0.89	0.15	4.2E-01	A	290	0.83	0.18	3.0E-01	A	280	0.87	0.18	4.6E-01
rs1551347	ANXA2	15	58453520	C	394	1.00	0.22	1.0E+00	C	292	0.86	0.27	5.8E-01	C	281	1.04	0.26	8.9E-01
rs1552227	NOS1	12	116263418	T	394	1.08	0.15	6.4E-01	T	292	0.93	0.19	7.0E-01	T	281	1.32	0.19	1.5E-01
rs1552314	AIM	8	93173981	G	394	1.26	0.18	1.9E-01	G	292	1.68	0.22	1.6E-02	G	281	1.07	0.23	7.7E-01
rs1553005	CALCA	11	14951066	C	390	1.26	0.16	1.5E-01	C	290	1.17	0.19	4.1E-01	C	278	1.22	0.20	3.1E-01
rs1554286	IL10	1	205010856	A	393	1.09	0.18	6.3E-01	A	291	1.07	0.22	7.6E-01	A	281	1.22	0.22	3.8E-01
rs1556832	ADRA1D	20	4163557	C	394	0.85	0.14	2.5E-01	C	292	0.85	0.18	3.5E-01	C	281	0.87	0.18	4.1E-01
rs1557545	GRIA3	23	122148800	A	394	1.07	0.18	7.2E-01	A	292	0.98	0.22	9.2E-01	A	281	1.17	0.22	4.7E-01
rs1558542	EGFR	7	55101766	T	394	0.83	0.18	3.2E-01	T	292	0.85	0.22	4.5E-01	T	281	0.82	0.23	4.0E-01
rs1559483	KCNIP3	2	95333606	C	393	1.05	0.16	7.8E-01	C	292	0.92	0.19	6.5E-01	C	280	1.24	0.19	2.7E-01
rs1560409	SC5DL	11	120665270	C	393	1.30	0.15	7.8E-02	C	291	1.23	0.18	2.5E-01	C	280	1.33	0.19	1.3E-01
rs1563382	AIM	3	79319581	G	394	0.67	0.23	8.8E-02	G	292	0.88	0.27	6.3E-01	G	281	0.47	0.35	3.1E-02
rs1563826	EREG	4	75454388	T	392	0.88	0.16	4.2E-01	T	291	0.87	0.20	4.9E-01	T	279	0.77	0.21	2.1E-01
rs1563945	PNOC	8	28230805	C	394	0.93	0.22	7.4E-01	C	292	1.12	0.26	6.5E-01	C	281	0.86	0.29	6.0E-01
rs1565823	PRKACB	1	84349208	G	394	0.88	0.14	3.9E-01	G	292	0.98	0.18	8.9E-01	G	281	0.80	0.18	2.3E-01
rs1565923	ERBB2	17	35112204	A	394	0.75	0.16	6.4E-02	A	292	0.88	0.19	5.1E-01	A	281	0.65	0.21	3.8E-02
rs1566772	STAU2	8	74752627	C	394	0.97	0.18	8.5E-01	C	292	1.02	0.22	9.3E-01	C	281	0.87	0.24	5.7E-01
rs16006	CACNA1A	19	13331522	C	394	0.92	0.40	8.4E-01	C	292	1.06	0.49	9.1E-01	C	281	1.01	0.52	9.8E-01
rs16012	CACNA1A	19	13280235	C	394	0.44	0.55	1.4E-01	C	292	0.48	0.66	2.7E-01	C	281	0.35	0.78	1.8E-01
rs16016	CACNA1A	19	13275594	T	394	0.72	0.21	1.2E-01	T	292	0.83	0.25	4.6E-01	T	281	0.61	0.28	8.3E-02
rs16018	CACNA1A	19	13272482	G	393	0.99	0.15	9.6E-01	G	291	0.98	0.19	9.3E-01	G	280	1.00	0.18	9.8E-01
rs16025	CACNA1A	19	13270390	T	394	0.95	0.19	7.8E-01	T	292	0.98	0.23	9.3E-01	T	281	0.98	0.24	9.2E-01
rs16027	CACNA1A	19	13258560	T	394	1.03	0.25	9.0E-01	T	292	1.11	0.31	7.3E-01	T	281	0.98	0.32	9.4E-01
rs16030	CACNA1A	19	13248904	G	394	0.63	0.18	1.1E-02	G	292	0.66	0.22	5.9E-02	G	281	0.62	0.23	4.2E-02

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1609480	SLC6A11	3	10876959	T	394	0.84	0.15	2.3E-01	T	292	0.92	0.18	6.4E-01	T	281	0.74	0.18	9.5E-02
rs161381	TRPV1	17	3450276	T	394	1.20	0.19	3.4E-01	T	292	1.35	0.23	1.9E-01	T	281	1.23	0.24	3.9E-01
rs16140	NPY	7	24291333	G	384	1.12	0.16	5.0E-01	G	288	1.20	0.20	3.7E-01	G	273	1.09	0.22	7.0E-01
rs16147	NPY	7	24289935	T	392	0.84	0.15	2.4E-01	T	290	0.86	0.18	3.8E-01	T	280	0.83	0.19	3.4E-01
rs1621388	P2RX7	12	120106946	A	394	0.98	0.15	8.8E-01	A	292	1.17	0.18	4.0E-01	A	281	0.83	0.19	3.3E-01
rs1634499	CCL3	17	31444038	G	394	1.18	0.17	3.2E-01	G	292	1.13	0.20	5.5E-01	G	281	1.27	0.21	2.4E-01
rs1634508	CCL4	17	31450358	A	391	1.19	0.17	3.0E-01	A	289	1.14	0.20	5.2E-01	A	278	1.28	0.21	2.2E-01
rs1644498	CAMK4	5	110709762	A	394	0.92	0.15	5.9E-01	A	292	0.84	0.19	3.6E-01	A	281	1.08	0.19	6.9E-01
rs1644501	CAMK4	5	110700432	A	390	0.92	0.15	5.9E-01	A	288	0.86	0.19	4.3E-01	A	279	1.05	0.19	8.0E-01
rs1645660	SLC1A3	5	36680057	A	393	1.02	0.14	8.9E-01	A	292	1.19	0.17	3.1E-01	A	280	0.87	0.18	4.5E-01
rs1650790	CAMK4	5	110631388	G	391	1.03	0.14	8.4E-01	G	289	1.12	0.17	5.3E-01	G	280	0.93	0.17	6.8E-01
rs1653586	P2RX4	12	120159958	T	393	0.88	0.37	7.2E-01	T	291	0.91	0.45	8.3E-01	T	281	0.88	0.47	7.8E-01
rs165599	COMT	22	18336781	G	383	1.31	0.16	8.5E-02	G	284	1.28	0.19	1.8E-01	G	272	1.31	0.19	1.7E-01
rs16567	ACCN1	17	28376537	T	394	0.96	0.14	7.7E-01	T	292	0.92	0.17	6.3E-01	T	281	0.93	0.18	6.7E-01
rs165774	COMT	22	18332561	A	392	0.70	0.15	1.7E-02	A	290	0.58	0.19	4.6E-03	A	279	0.85	0.19	3.9E-01
rs1662699	NTRK2	9	86601564	T	394	1.10	0.18	6.0E-01	T	292	0.91	0.22	6.8E-01	T	281	1.29	0.22	2.4E-01
rs1672466	PLA2G4B	15	39923280	C	375	0.85	0.18	3.6E-01	C	277	0.80	0.22	3.1E-01	C	265	0.79	0.23	3.0E-01
rs167770	DRD3	3	115362252	G	394	0.92	0.15	5.9E-01	G	292	1.06	0.19	7.8E-01	G	281	0.82	0.20	3.2E-01
rs1681506	NOS1	12	116259961	C	394	0.84	0.15	2.5E-01	C	292	0.65	0.18	1.9E-02	C	281	1.03	0.18	8.7E-01
rs16824558	MME	3	156294651	A	394	0.93	0.37	8.5E-01	A	292	1.03	0.42	9.4E-01	A	281	0.75	0.49	5.6E-01
rs16843684	GRK4	4	2935474	T	382	1.15	0.16	3.6E-01	T	283	1.09	0.19	6.6E-01	T	275	1.15	0.19	4.7E-01
rs16850532	SCN2A	2	165937495	A	394	0.90	0.15	4.9E-01	A	292	1.06	0.19	7.7E-01	A	281	0.78	0.20	2.1E-01
rs16851799	SCN9A	2	166794660	T	394	0.96	0.15	7.7E-01	T	292	0.84	0.19	3.4E-01	T	281	1.14	0.18	4.7E-01
rs16859826	GABRA4	4	46687489	C	394	0.79	0.26	3.7E-01	C	292	0.88	0.31	6.6E-01	C	281	0.67	0.35	2.5E-01
rs16860198	GABRB1	4	47110569	G	393	0.78	0.16	1.2E-01	G	291	0.96	0.19	8.5E-01	G	281	0.60	0.22	1.8E-02
rs16870224	PTGER4	5	40728697	A	394	0.80	0.24	3.5E-01	A	292	0.94	0.28	8.1E-01	A	281	0.65	0.32	1.8E-01
rs16873373	RUNX2	6	45443679	G	394	1.04	0.21	8.4E-01	G	292	1.42	0.24	1.6E-01	G	281	0.75	0.29	3.3E-01
rs16873379	RUNX2	6	45447829	C	393	1.01	0.21	9.8E-01	C	292	1.42	0.24	1.6E-01	C	280	0.66	0.31	1.8E-01
rs16877243	AIM	4	25177016	T	394	0.79	0.17	1.7E-01	T	292	0.81	0.21	3.0E-01	T	281	0.78	0.23	2.7E-01
rs16913257	PRKG1	10	52483739	C	394	1.07	0.17	6.8E-01	C	292	1.20	0.20	3.8E-01	C	281	0.98	0.21	9.4E-01
rs16920581	PENK	8	57516084	C	394	1.09	0.16	5.8E-01	C	292	0.92	0.19	6.6E-01	C	281	1.29	0.20	1.9E-01
rs1693863	CALM2	2	47263418	C	394	1.45	0.17	3.0E-02	C	292	1.72	0.20	6.8E-03	C	281	1.10	0.22	6.7E-01
rs16940674	CRHR1	17	41266288	T	392	0.78	0.18	1.8E-01	T	290	0.77	0.22	2.3E-01	T	280	0.84	0.23	4.4E-01
rs16941328	NTRK3	15	86492235	A	394	1.15	0.20	4.8E-01	A	292	1.30	0.23	2.5E-01	A	281	0.85	0.27	5.7E-01
rs16941331	NTRK3	15	86494637	C	394	0.68	0.17	2.1E-02	C	292	0.65	0.20	3.4E-02	C	281	0.68	0.22	7.6E-02
rs16944	IL1B	2	113311338	A	394	0.96	0.16	8.1E-01	A	292	1.00	0.18	9.9E-01	A	281	0.96	0.20	8.6E-01
rs169596	XDH	2	31419628	A	394	0.91	0.15	5.5E-01	A	292	0.95	0.18	7.7E-01	A	281	0.88	0.19	5.2E-01
rs16965199	PPP1R1B	17	35042266	G	393	1.77	0.64	3.7E-01	G	291	1.82	0.83	4.7E-01	G	280	2.76	0.77	1.9E-01
rs16967974	ACCN1	17	28402898	G	392	1.14	0.16	4.2E-01	G	290	1.30	0.19	1.7E-01	G	280	0.95	0.21	8.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs16968020	ACCN1	17	28461828	A	394	0.94	0.18	7.2E-01	A	292	1.09	0.21	6.7E-01	A	281	0.76	0.24	2.5E-01
rs16969968	CHRNA5	15	76669980	A	394	1.12	0.15	4.6E-01	A	292	1.01	0.18	9.5E-01	A	281	1.24	0.19	2.5E-01
rs1698042	AIM	3	118667838	G	394	0.92	0.29	7.7E-01	G	292	0.77	0.38	5.0E-01	G	281	1.15	0.35	7.0E-01
rs1699138	TRPV3	17	3399068	T	393	0.78	0.16	1.3E-01	T	291	0.90	0.20	5.7E-01	T	280	0.67	0.21	6.1E-02
rs1701004	APP	21	26273261	T	393	0.99	0.17	9.7E-01	T	291	0.91	0.20	6.3E-01	T	281	1.15	0.20	5.0E-01
rs17011368	XDH	2	31444421	C	394	1.24	0.46	6.5E-01	C	292	1.88	0.49	1.9E-01	C	281	0.44	0.79	3.0E-01
rs17036320	CALM2	2	47240691	C	394	1.24	0.23	3.6E-01	C	292	1.29	0.26	3.4E-01	C	281	1.10	0.29	7.4E-01
rs170364	CX3CL1	16	55967435	T	394	1.14	0.16	3.9E-01	T	292	0.88	0.19	5.1E-01	T	281	1.41	0.19	7.3E-02
rs17058952	PNOC	8	28230273	G	392	1.23	0.16	2.0E-01	G	290	1.16	0.19	4.4E-01	G	281	1.30	0.20	2.0E-01
rs17060857	PPP3CC	8	22353794	A	394	1.47	0.33	2.5E-01	A	292	1.59	0.39	2.3E-01	A	281	1.35	0.41	4.6E-01
rs17061477	TAAR5	6	132952963	C	394	1.06	0.24	8.1E-01	C	292	1.10	0.28	7.4E-01	C	281	0.95	0.31	8.7E-01
rs17068986	HTR2A	13	46314387	T	394	1.03	0.22	9.1E-01	T	292	0.79	0.29	4.1E-01	T	281	1.22	0.26	4.5E-01
rs1709183	ESR1	6	152235689	C	388	0.91	0.16	5.7E-01	C	287	0.88	0.19	5.3E-01	C	277	0.92	0.20	6.7E-01
rs17098707	GRK5	10	121076087	T	394	1.21	0.61	7.6E-01	T	292	0.36	1.10	3.5E-01	T	281	2.08	0.65	2.6E-01
rs17099141	HIF1A	14	61263992	A	394	0.81	0.46	6.5E-01	A	292	0.48	0.66	2.7E-01	A	281	1.11	0.52	8.4E-01
rs17108817	ADRB2	5	148196095	T	394	0.82	0.14	1.5E-01	T	292	0.80	0.17	1.8E-01	T	281	0.82	0.17	2.5E-01
rs17110747	TPH2	12	70712221	A	394	0.86	0.18	4.1E-01	A	292	0.91	0.22	6.8E-01	A	281	0.83	0.24	4.3E-01
rs17112186	LIPM	10	90475349	G	393	0.88	0.35	7.2E-01	G	291	0.83	0.45	6.8E-01	G	280	0.95	0.43	9.0E-01
rs17115113	PRKD1	14	29174761	C	394	1.08	0.15	6.0E-01	C	292	1.09	0.19	6.4E-01	C	281	1.04	0.19	8.2E-01
rs17116138	HTR3B	11	113308876	A	393	1.27	0.49	6.2E-01	A	291	0.45	0.80	3.1E-01	A	281	2.12	0.52	1.5E-01
rs17131308	PRKACB	1	84475062	T	394	1.57	0.27	9.3E-02	T	292	1.78	0.30	5.6E-02	T	281	1.28	0.34	4.7E-01
rs17155680	CACNA2D1	7	81415608	C	394	0.83	0.17	2.8E-01	C	292	1.03	0.20	8.9E-01	C	281	0.62	0.24	4.6E-02
rs1716167	AIM	12	122217115	A	393	1.01	0.17	9.6E-01	A	291	0.89	0.21	5.9E-01	A	280	1.06	0.22	8.0E-01
rs17172432	EGFR	7	55108811	C	394	1.07	0.18	7.2E-01	C	292	1.11	0.22	6.3E-01	C	281	0.98	0.23	9.2E-01
rs17172630	CAMK2B	7	44249453	A	392	1.12	0.27	6.9E-01	A	290	1.00	0.33	1.0E+00	A	280	1.21	0.33	5.7E-01
rs17179740	ESR2	14	63826504	A	390	1.04	0.14	7.6E-01	A	289	1.23	0.17	2.4E-01	A	279	0.90	0.18	5.6E-01
rs171798	SLC6A2	16	54302005	C	394	1.07	0.19	7.1E-01	C	292	1.14	0.23	5.6E-01	C	281	1.03	0.24	8.9E-01
rs1718119	P2RX7	12	120099486	A	394	1.01	0.15	9.4E-01	A	292	1.19	0.18	3.3E-01	A	281	0.87	0.19	4.7E-01
rs1718136	P2RX7	12	120093991	G	394	1.01	0.15	9.4E-01	G	292	1.20	0.18	3.0E-01	G	281	0.86	0.19	4.4E-01
rs17182402	MPDZ	9	13234220	G	392	1.09	0.20	6.8E-01	G	290	1.18	0.24	5.0E-01	G	280	0.92	0.26	7.5E-01
rs17182714	SCN2A	2	165803783	G	391	1.10	0.20	6.3E-01	G	289	0.92	0.25	7.5E-01	G	278	1.30	0.24	2.7E-01
rs17189401	PPP3R2	9	103393143	G	394	0.94	0.18	7.3E-01	G	292	1.03	0.21	8.7E-01	G	281	0.87	0.23	5.4E-01
rs1719153	CCL4	17	31457342	T	394	1.14	0.17	4.5E-01	T	292	1.06	0.20	7.7E-01	T	281	1.26	0.21	2.6E-01
rs1719982	AIM	18	5598808	T	393	0.88	0.15	3.8E-01	T	291	0.88	0.18	4.7E-01	T	280	0.91	0.19	6.5E-01
rs17203281	DLG4	17	7040535	A	393	1.04	0.16	7.9E-01	A	291	1.34	0.19	1.2E-01	A	280	0.78	0.21	2.3E-01
rs1722883	AKR1B10	7	133865943	C	394	0.83	0.14	1.8E-01	C	292	1.01	0.17	9.3E-01	C	281	0.70	0.18	4.2E-02
rs1723482	CALM2	2	47260043	C	390	1.39	0.21	1.1E-01	C	289	1.77	0.24	1.7E-02	C	277	0.98	0.28	9.4E-01
rs17244555	P2RY2	11	72623956	A	393	0.65	0.42	3.0E-01	A	291	0.96	0.46	9.2E-01	A	280	0.25	0.76	7.1E-02
rs17304901	NPY2R	4	156357822	A	394	1.10	0.16	5.3E-01	A	292	1.00	0.19	9.9E-01	A	281	1.16	0.19	4.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs17323225	XDH	2	31446769	C	394	1.24	0.46	6.5E-01	C	292	1.88	0.49	1.9E-01	C	281	0.44	0.79	3.0E-01
rs17349080	LIPM	10	90492394	T	394	1.77	0.41	1.7E-01	T	292	2.11	0.46	1.0E-01	T	281	1.23	0.53	7.0E-01
rs17381194	ATP2B1	12	88535226	C	394	0.81	0.20	3.1E-01	C	292	0.61	0.27	6.8E-02	C	281	1.08	0.25	7.6E-01
rs17416172	ERBB4	2	212683073	T	393	0.98	0.14	8.9E-01	T	291	1.06	0.17	7.3E-01	T	280	0.96	0.18	8.0E-01
rs17426222	ADRA1A	8	26773734	T	394	0.84	0.16	2.9E-01	T	292	0.98	0.19	9.3E-01	T	281	0.79	0.21	2.6E-01
rs17434481	LIPM	10	90507130	T	394	1.77	0.41	1.7E-01	T	292	2.11	0.46	1.0E-01	T	281	1.23	0.53	7.0E-01
rs17442808	MME	3	156290571	A	394	0.82	0.16	2.3E-01	A	292	0.76	0.20	1.6E-01	A	281	0.83	0.20	3.6E-01
rs17464221	CALCRL	2	187986448	T	393	0.89	0.15	4.3E-01	T	291	0.76	0.19	1.5E-01	T	281	1.00	0.19	9.8E-01
rs174697	COMT	22	18333832	A	394	1.84	0.38	1.1E-01	A	292	1.63	0.43	2.6E-01	A	281	1.94	0.46	1.5E-01
rs17478710	GRIA4	11	105143352	G	393	1.19	0.15	2.6E-01	G	291	1.10	0.19	6.2E-01	G	280	1.26	0.19	2.1E-01
rs17486278	CHRNA5	15	76654537	C	391	1.09	0.15	5.7E-01	C	290	0.98	0.18	9.3E-01	C	279	1.21	0.19	3.1E-01
rs17509759	PRKG1	10	52445050	T	394	1.03	0.16	8.7E-01	T	292	0.96	0.19	8.3E-01	T	281	1.08	0.20	6.9E-01
rs17525809	P2RX7	12	120077072	C	394	0.92	0.29	7.7E-01	C	292	1.04	0.34	9.1E-01	C	281	0.77	0.38	4.9E-01
rs17534202	BTG2	1	201547798	G	394	0.92	0.15	6.0E-01	G	292	0.96	0.18	8.1E-01	G	281	0.86	0.19	4.4E-01
rs17540656	NGF	1	115681655	G	392	1.03	0.15	8.5E-01	G	291	1.03	0.17	8.7E-01	G	280	1.02	0.18	9.4E-01
rs17561	IL1A	2	113253694	A	394	1.06	0.15	7.0E-01	A	292	1.14	0.19	4.9E-01	A	281	0.99	0.20	9.6E-01
rs17566896	KCNJ3	2	155367210	C	394	0.99	0.15	9.4E-01	C	292	1.12	0.18	5.5E-01	C	281	0.87	0.20	4.8E-01
rs17574	DPP4	2	162638225	G	394	0.91	0.15	5.0E-01	G	292	0.95	0.18	7.7E-01	G	281	0.92	0.19	6.4E-01
rs17586159	MAP2K1	15	64564399	A	394	1.35	0.55	5.9E-01	A	292	1.85	0.64	3.4E-01	A	281	1.22	0.74	7.9E-01
rs17586428	HTR2B	2	231697099	G	393	2.12	0.39	5.4E-02	G	291	2.09	0.46	1.0E-01	G	280	1.98	0.45	1.3E-01
rs17599158	GABRA4	4	46628747	C	389	0.92	0.16	5.9E-01	C	287	0.77	0.20	1.9E-01	C	277	1.10	0.20	6.5E-01
rs17619588	HTR2B	2	231680419	G	392	2.11	0.39	5.5E-02	G	290	2.08	0.46	1.1E-01	G	279	1.97	0.45	1.3E-01
rs1763527	SGK1	6	134541547	T	392	0.95	0.13	6.9E-01	T	291	1.02	0.16	8.8E-01	T	279	0.87	0.17	3.9E-01
rs17642086	KCNJ3	2	155419603	C	393	1.11	0.15	5.1E-01	C	291	1.28	0.18	1.7E-01	C	281	0.95	0.20	8.0E-01
rs17647384	GABRB3	15	24767263	A	394	0.97	0.14	8.3E-01	A	292	1.08	0.17	6.4E-01	A	281	0.79	0.18	2.0E-01
rs17689135	VPS4B	18	59236106	A	394	0.92	0.17	6.1E-01	A	292	0.94	0.20	7.6E-01	A	281	0.83	0.22	4.2E-01
rs17689378	CRHR1	17	41237571	T	394	0.80	0.18	2.1E-01	T	292	0.79	0.22	2.8E-01	T	281	0.85	0.23	4.6E-01
rs17695052	FPR2	19	56965038	G	394	1.20	0.24	4.7E-01	G	292	1.17	0.30	5.9E-01	G	281	1.26	0.30	4.5E-01
rs17731664	NRG1	8	32705627	C	394	1.03	0.24	9.1E-01	C	292	1.15	0.28	6.3E-01	C	281	0.98	0.30	9.5E-01
rs17733242	PPP3CC	8	22441490	G	394	0.97	0.23	9.1E-01	G	292	1.12	0.27	6.8E-01	G	281	0.93	0.30	8.0E-01
rs17739403	ETV1	7	13995490	T	394	1.17	0.57	7.8E-01	T	292	1.37	0.77	6.9E-01	T	281	2.07	0.72	3.1E-01
rs17763226	EPHB1	3	135992886	C	394	1.38	0.20	1.0E-01	C	292	1.27	0.23	2.9E-01	C	281	1.34	0.24	2.3E-01
rs17804031	ERBB4	2	212022553	T	394	0.93	0.14	6.1E-01	T	292	0.75	0.18	1.1E-01	T	281	1.09	0.18	6.2E-01
rs17834679	FPR2	19	56961899	G	393	0.92	0.16	6.1E-01	G	292	0.89	0.20	5.5E-01	G	280	0.96	0.20	8.5E-01
rs1783596	P2RY2	11	72623668	C	392	1.27	0.14	9.2E-02	C	290	1.22	0.17	2.6E-01	C	280	1.36	0.17	7.5E-02
rs1787337	KCNJ6	21	38077824	A	394	0.98	0.14	8.9E-01	A	292	1.07	0.17	6.9E-01	A	281	0.92	0.18	6.6E-01
rs1794065	IL1RN	2	113596204	A	394	0.99	0.15	9.4E-01	A	292	0.98	0.18	9.0E-01	A	281	1.02	0.20	9.4E-01
rs1799722	BDKRB2	14	95740892	T	391	0.96	0.15	7.6E-01	T	290	1.15	0.18	4.4E-01	T	279	0.69	0.19	4.7E-02
rs1799836	MAOB	23	43512943	C	393	0.80	0.14	1.1E-01	C	291	0.86	0.17	3.6E-01	C	280	0.72	0.18	5.8E-02

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1799939	RET	10	42930125	A	394	1.06	0.20	7.6E-01	A	292	1.08	0.24	7.5E-01	A	281	1.06	0.25	8.2E-01
rs1799971	OPRM1	6	154402490	G	392	0.89	0.22	5.9E-01	G	291	1.15	0.25	5.8E-01	G	281	0.66	0.29	1.6E-01
rs1799978	DRD2	11	112851561	C	394	0.83	0.30	5.5E-01	C	292	0.63	0.39	2.5E-01	C	281	0.97	0.36	9.3E-01
rs1800499	DRD2	11	112792904	T	393	1.27	0.49	6.2E-01	T	292	0.90	0.62	8.7E-01	T	280	1.57	0.56	4.2E-01
rs1800566	NQO1	16	68302646	A	394	0.97	0.19	8.5E-01	A	292	0.78	0.24	2.8E-01	A	281	1.12	0.24	6.4E-01
rs1800587	IL1A	2	113259431	A	393	1.07	0.15	6.8E-01	A	291	1.14	0.19	4.8E-01	A	280	1.00	0.20	9.8E-01
rs1800629	TNF	6	31651010	A	394	0.86	0.19	4.5E-01	A	292	0.89	0.23	6.2E-01	A	281	0.82	0.25	4.4E-01
rs1800763	ADRA2A	10	112825982	T	394	0.95	0.31	8.8E-01	T	292	1.43	0.33	2.8E-01	T	281	0.40	0.55	9.8E-02
rs1800783	NOS3	7	150320330	A	393	1.02	0.14	8.7E-01	A	291	0.93	0.17	6.6E-01	A	280	1.07	0.17	6.9E-01
rs1800797	IL6	7	22732746	A	394	0.99	0.14	9.5E-01	A	292	1.03	0.17	8.8E-01	A	281	0.96	0.17	8.0E-01
rs1800858	RET	10	42915974	A	383	1.13	0.17	4.7E-01	A	282	1.05	0.21	8.1E-01	A	272	1.22	0.21	3.5E-01
rs1800860	RET	10	42926693	A	385	0.77	0.17	1.2E-01	A	285	0.78	0.20	2.1E-01	A	273	0.85	0.21	4.2E-01
rs1800863	RET	10	42935639	G	391	1.06	0.20	7.6E-01	G	289	1.10	0.24	7.0E-01	G	278	1.04	0.25	8.9E-01
rs1800871	IL10	1	205013257	A	394	1.07	0.17	6.8E-01	A	292	1.16	0.20	4.6E-01	A	281	1.09	0.21	6.7E-01
rs1800879	NTRK1	1	155104765	T	393	1.16	0.14	2.9E-01	T	292	1.21	0.17	2.6E-01	T	280	1.09	0.18	6.3E-01
rs1800888	ADRB2	5	148187078	T	394	0.74	0.55	5.9E-01	T	292	1.03	0.64	9.6E-01	T	281	0.57	0.81	4.9E-01
rs1800896	IL10	1	205013520	C	394	0.76	0.15	6.6E-02	C	292	0.77	0.18	1.4E-01	C	281	0.74	0.18	9.3E-02
rs1800925	IL13	5	132020708	T	392	0.87	0.17	4.1E-01	T	290	0.82	0.21	3.5E-01	T	280	0.95	0.21	8.1E-01
rs1801058	GRK4	4	3008948	T	394	1.13	0.14	3.9E-01	T	292	1.06	0.18	7.5E-01	T	281	1.12	0.18	5.2E-01
rs1801131	MTHFR	1	11777063	G	387	1.08	0.16	6.5E-01	G	286	1.13	0.19	5.2E-01	G	277	1.00	0.20	9.8E-01
rs1801132	ESR1	6	152307215	G	394	0.93	0.17	6.6E-01	G	292	0.83	0.22	4.0E-01	G	281	1.00	0.21	1.0E+00
rs1801133	MTHFR	1	11778965	A	393	0.86	0.15	3.1E-01	A	291	0.76	0.19	1.6E-01	A	281	0.97	0.19	8.7E-01
rs1801412	HTR2C	23	114048960	G	394	1.81	0.28	3.6E-02	G	292	2.10	0.33	2.2E-02	G	281	1.69	0.35	1.4E-01
rs1803898	ACSL1	4	185938543	T	390	0.94	0.16	7.1E-01	T	288	1.06	0.19	7.7E-01	T	280	0.74	0.21	1.4E-01
rs1805002	CCKBR	11	6247696	A	394	1.37	0.36	3.8E-01	A	292	1.16	0.43	7.3E-01	A	281	1.50	0.44	3.5E-01
rs1805055	HTR2A	13	46367969	T	394	0.59	0.53	3.1E-01	T	292	0.19	1.06	1.2E-01	T	281	1.13	0.57	8.3E-01
rs1805124	SCN5A	3	38620424	C	392	1.23	0.17	2.1E-01	C	291	1.28	0.20	2.2E-01	C	279	1.15	0.21	5.1E-01
rs1805126	SCN5A	3	38567410	G	394	0.86	0.15	3.1E-01	G	292	0.80	0.18	2.2E-01	G	281	0.87	0.18	4.5E-01
rs1805420	FMR1	23	146799998	G	393	0.93	0.36	8.5E-01	G	291	1.20	0.41	6.6E-01	G	280	0.68	0.51	4.5E-01
rs1805474	GRIN2B	12	13633417	T	394	0.97	0.17	8.7E-01	T	292	0.92	0.20	6.8E-01	T	281	0.97	0.21	8.9E-01
rs1806516	P2RY6	11	72681701	C	392	0.89	0.15	4.4E-01	C	291	0.97	0.18	8.8E-01	C	280	0.79	0.19	2.3E-01
rs1806572	GLRB	4	158256839	C	394	1.10	0.19	6.3E-01	C	292	1.28	0.23	2.7E-01	C	281	0.88	0.24	6.1E-01
rs1810132	ERBB2	17	35119531	C	394	0.76	0.16	7.5E-02	C	292	0.90	0.19	5.8E-01	C	281	0.65	0.21	3.8E-02
rs1811510	AIM	3	5750231	T	393	0.82	0.36	5.8E-01	T	291	0.57	0.49	2.6E-01	T	280	1.13	0.42	7.7E-01
rs1820577	HNRNPD	4	83497802	C	393	0.98	0.18	8.9E-01	C	291	0.94	0.22	7.6E-01	C	281	1.03	0.22	8.9E-01
rs1822420	NTRK2	9	86657096	T	394	0.98	0.22	9.1E-01	T	292	1.42	0.24	1.5E-01	T	281	0.57	0.32	8.3E-02
rs1823001	KCNJ3	2	155322526	T	393	0.83	0.14	1.9E-01	T	291	0.75	0.18	9.5E-02	T	281	0.93	0.18	7.0E-01
rs1823003	KCNJ3	2	155311726	T	393	0.97	0.15	8.6E-01	T	291	1.09	0.19	6.4E-01	T	281	0.82	0.19	3.2E-01
rs1823778	AIM	18	65752616	G	394	1.27	0.22	2.8E-01	G	292	1.39	0.25	1.9E-01	G	281	1.07	0.29	8.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1824024	CHRM2	7	136294234	C	389	1.42	0.16	2.4E-02	C	289	1.24	0.19	2.4E-01	C	277	1.64	0.19	1.0E-02
rs182637	TRPV1	17	3456581	T	392	1.23	0.15	1.8E-01	T	292	1.39	0.18	7.3E-02	T	279	1.03	0.19	8.7E-01
rs1826532	GRIA1	5	152880879	T	394	0.91	0.17	6.0E-01	T	292	1.03	0.21	8.8E-01	T	281	0.95	0.23	8.1E-01
rs1827950	AIM	4	117317931	G	394	1.06	0.19	7.7E-01	G	292	0.91	0.24	7.0E-01	G	281	1.15	0.24	5.4E-01
rs1828774	AIM	15	26812205	G	394	0.91	0.14	4.8E-01	G	292	0.90	0.17	5.2E-01	G	281	0.91	0.18	5.8E-01
rs1836914	MME	3	156279054	C	394	0.79	0.49	6.3E-01	C	292	0.82	0.57	7.3E-01	C	281	0.70	0.64	5.8E-01
rs1851426	CYP3A4	7	99220872	A	394	1.76	0.49	2.5E-01	A	292	2.45	0.52	8.5E-02	A	281	0.86	0.70	8.3E-01
rs1861647	SLC6A2	16	54285907	A	394	1.03	0.14	8.3E-01	A	292	1.03	0.17	8.6E-01	A	281	1.04	0.18	8.3E-01
rs1862262	CACNA1A	19	13425687	T	394	0.84	0.18	3.2E-01	T	292	0.77	0.22	2.5E-01	T	281	0.86	0.23	5.0E-01
rs1864205	GRIA1	5	152865023	C	394	0.95	0.15	7.6E-01	C	292	0.97	0.18	8.6E-01	C	281	0.91	0.19	6.3E-01
rs1864213	SLC1A3	5	36663526	G	394	1.00	0.15	1.0E+00	G	292	0.95	0.18	7.9E-01	G	281	1.05	0.18	7.9E-01
rs1865033	CACNA1A	19	13193467	A	394	0.74	0.20	1.2E-01	A	292	0.80	0.24	3.5E-01	A	281	0.64	0.25	8.1E-02
rs1866989	GABRB1	4	46795862	T	394	1.05	0.15	7.7E-01	T	292	1.07	0.18	7.0E-01	T	281	1.03	0.19	8.7E-01
rs1868402	PPP3R1	2	68262541	G	394	1.06	0.16	6.9E-01	G	292	0.97	0.19	8.9E-01	G	281	1.20	0.20	3.5E-01
rs1869237	AIM	10	33876047	G	394	0.79	0.15	1.1E-01	G	292	0.92	0.18	6.5E-01	G	281	0.69	0.19	5.1E-02
rs1872688	ADCY7	16	48874578	T	394	0.85	0.15	2.9E-01	T	292	0.79	0.19	2.1E-01	T	281	0.92	0.19	6.4E-01
rs1872691	ADCY7	16	48907711	A	394	1.02	0.19	9.2E-01	A	292	1.04	0.24	8.6E-01	A	281	1.15	0.23	5.4E-01
rs1873905	GRIA1	5	152914816	T	394	1.11	0.15	4.7E-01	T	292	1.15	0.18	4.3E-01	T	281	1.09	0.18	6.4E-01
rs1873910	GRIA1	5	152981745	T	394	0.99	0.16	9.4E-01	T	292	1.08	0.19	6.8E-01	T	281	0.85	0.20	4.3E-01
rs1874142	ADORA1	1	201361029	A	392	1.05	0.14	7.2E-01	A	290	0.94	0.18	7.3E-01	A	280	1.17	0.18	3.8E-01
rs1874425	ADRA1A	8	26701403	T	394	0.96	0.16	8.1E-01	T	292	0.93	0.19	7.2E-01	T	281	0.97	0.20	9.0E-01
rs1875999	CRHBP	5	76300738	C	394	0.85	0.15	2.9E-01	C	292	0.82	0.19	3.1E-01	C	281	0.95	0.19	7.7E-01
rs1876267	PPP3CA	4	102248524	T	391	0.86	0.14	3.0E-01	T	289	0.94	0.17	7.4E-01	T	278	0.73	0.18	9.4E-02
rs1881597	PRKG1	10	53723823	T	391	1.03	0.16	8.5E-01	T	290	1.16	0.19	4.3E-01	T	278	0.90	0.20	6.1E-01
rs1882766	RUNX1	21	35733029	T	394	0.79	0.16	1.5E-01	T	292	0.77	0.20	2.0E-01	T	281	0.77	0.20	1.9E-01
rs1884052	ESR1	6	152333059	G	392	1.07	0.20	7.3E-01	G	290	0.98	0.25	9.5E-01	G	279	1.14	0.25	6.1E-01
rs1884725	XDH	2	31425290	A	394	1.36	0.17	7.5E-02	A	292	1.53	0.20	3.8E-02	A	281	1.05	0.22	8.4E-01
rs1885167	AIM	9	17504515	A	393	0.94	0.17	7.0E-01	A	291	0.84	0.21	4.0E-01	A	280	1.09	0.22	6.9E-01
rs1888861	NTRK1	1	155064585	C	391	1.28	0.18	1.7E-01	C	289	1.10	0.22	6.8E-01	C	280	1.49	0.22	7.0E-02
rs1889432	GRK5	10	121175991	G	393	0.76	0.15	5.9E-02	G	291	0.68	0.19	3.7E-02	G	280	0.81	0.18	2.5E-01
rs1897139	ATP1B3	3	143088651	A	394	0.91	0.22	6.7E-01	A	292	0.97	0.26	9.0E-01	A	281	0.79	0.28	4.0E-01
rs1900132	KCNJ3	2	155411314	G	394	0.94	0.16	6.8E-01	G	292	0.76	0.20	1.7E-01	G	281	1.07	0.20	7.3E-01
rs1901362	YWHAZ	8	102028785	A	393	1.46	0.14	7.3E-03	A	292	1.60	0.17	6.0E-03	A	280	1.43	0.18	5.0E-02
rs1905248	SCN8A	12	50293270	A	394	1.05	0.16	7.5E-01	A	292	1.04	0.20	8.4E-01	A	281	1.03	0.21	8.9E-01
rs1916048	ZFAND6	15	78199634	C	393	0.83	0.17	2.8E-01	C	291	0.85	0.21	4.3E-01	C	281	0.69	0.23	1.1E-01
rs192303	SLC6A2	16	54257725	G	376	0.92	0.17	6.2E-01	G	279	0.83	0.21	3.8E-01	G	268	1.05	0.21	8.2E-01
rs1923882	HTR2A	13	46309662	T	394	0.99	0.17	9.3E-01	T	292	1.23	0.21	3.1E-01	T	281	0.74	0.22	1.6E-01
rs1927911	TLR4	9	119509875	A	394	0.84	0.16	3.0E-01	A	292	0.87	0.20	4.9E-01	A	281	0.84	0.21	4.1E-01
rs1934963	CYP2C9	10	96724666	C	394	1.02	0.18	9.3E-01	C	292	0.84	0.23	4.4E-01	C	281	1.20	0.22	4.2E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs1934967	CYP2C9	10	96731416	T	394	0.83	0.17	2.8E-01	T	292	0.96	0.20	8.2E-01	T	281	0.78	0.22	2.5E-01
rs1939826	GRIA4	11	105342170	G	391	1.02	0.18	9.1E-01	G	290	0.96	0.22	8.5E-01	G	280	1.10	0.23	6.6E-01
rs1940964	GRIA4	11	105215066	T	394	0.69	0.18	3.6E-02	T	292	0.79	0.21	2.8E-01	T	281	0.58	0.25	2.4E-02
rs1946892	SCN3A	2	165704353	A	394	1.11	0.14	4.5E-01	A	292	1.11	0.17	5.4E-01	A	281	1.12	0.17	5.0E-01
rs1947195	PRKCE	2	45938829	T	394	0.95	0.22	8.3E-01	T	292	0.94	0.26	8.1E-01	T	281	0.92	0.27	7.5E-01
rs1947364	KCNK2	1	213311161	G	394	0.96	0.21	8.3E-01	G	292	1.10	0.25	6.9E-01	G	281	0.82	0.28	4.9E-01
rs1947582	CSNK1A1	5	148872288	T	394	1.16	0.15	3.1E-01	T	292	1.09	0.17	6.1E-01	T	281	1.17	0.18	4.0E-01
rs1951795	HIF1A	14	61241179	A	394	0.83	0.18	3.2E-01	A	292	0.88	0.22	5.4E-01	A	281	0.73	0.24	1.9E-01
rs1953209	PRKD1	14	29395444	G	394	1.03	0.14	8.3E-01	G	292	1.10	0.17	5.8E-01	G	281	0.96	0.18	8.3E-01
rs1953722	PRKD1	14	29300389	G	392	0.95	0.16	7.4E-01	G	290	1.16	0.19	4.4E-01	G	280	0.76	0.21	2.0E-01
rs1958987	PRKD1	14	29409562	C	390	0.86	0.15	3.3E-01	C	288	0.92	0.18	6.5E-01	C	279	0.80	0.19	2.5E-01
rs1959437	PRKD1	14	29191765	C	388	1.06	0.15	7.1E-01	C	286	1.13	0.19	5.2E-01	C	280	0.98	0.19	9.3E-01
rs1975285	PENK	8	57521236	G	386	0.82	0.17	2.5E-01	G	288	0.85	0.21	4.2E-01	G	275	0.73	0.23	1.8E-01
rs1977525	GRIK1	21	29835464	T	394	0.92	0.16	6.3E-01	T	292	0.80	0.21	2.9E-01	T	281	1.13	0.20	5.4E-01
rs1978431	CACNA1A	19	13482615	T	394	1.05	0.15	7.6E-01	T	292	1.07	0.19	7.2E-01	T	281	1.12	0.19	5.6E-01
rs1979004	KCNJ3	2	155421667	A	385	1.10	0.16	5.7E-01	A	285	1.27	0.19	2.0E-01	A	277	0.95	0.20	8.1E-01
rs1980030	GRK5	10	120960017	G	394	1.20	0.15	2.3E-01	G	292	1.40	0.18	7.1E-02	G	281	1.09	0.19	6.7E-01
rs1982072	TGFB1	19	46556349	T	394	0.99	0.15	9.4E-01	T	292	0.90	0.19	5.7E-01	T	281	1.08	0.19	7.0E-01
rs198413	CLCN6	1	11823389	C	394	0.80	0.22	3.2E-01	C	292	0.92	0.26	7.4E-01	C	281	0.57	0.31	6.4E-02
rs1986420	AIM	10	119746836	G	394	0.69	0.29	2.0E-01	G	292	0.37	0.43	2.0E-02	G	281	1.01	0.33	9.7E-01
rs1987070	PRKCE	2	46090950	A	392	1.05	0.16	7.5E-01	A	290	1.08	0.19	6.9E-01	A	279	1.00	0.20	1.0E+00
rs1989172	PRKD3	2	37379524	A	394	1.05	0.19	7.8E-01	A	292	0.75	0.24	2.4E-01	A	281	1.35	0.22	1.8E-01
rs1992646	GABRA6	5	161043839	A	389	0.87	0.14	3.3E-01	A	287	0.86	0.17	3.8E-01	A	277	0.89	0.19	5.4E-01
rs1996147	EGR3	8	22600103	G	393	0.73	0.15	4.1E-02	G	291	0.83	0.18	3.0E-01	G	281	0.62	0.20	1.7E-02
rs1997644	CSNK1E	22	37045168	G	394	1.01	0.14	9.5E-01	G	292	0.92	0.16	6.2E-01	G	281	1.14	0.17	4.3E-01
rs1997794	PDYN	20	1922858	C	380	1.04	0.15	7.9E-01	C	284	0.90	0.19	5.9E-01	C	269	1.18	0.18	3.6E-01
rs1998977	NTRK1	1	155070745	T	394	1.15	0.15	3.6E-01	T	292	1.21	0.19	3.2E-01	T	281	1.08	0.19	6.8E-01
rs1999628	GRK5	10	121207051	A	394	0.98	0.21	9.2E-01	A	292	0.97	0.26	9.0E-01	A	281	0.97	0.26	9.0E-01
rs2000978	CCKAR	4	26097087	G	394	0.85	0.19	4.0E-01	G	292	0.83	0.23	4.3E-01	G	281	0.80	0.24	3.5E-01
rs2004426	AIM	9	111651570	T	394	1.17	0.18	3.8E-01	T	292	1.03	0.22	8.8E-01	T	281	1.34	0.21	1.7E-01
rs2008592	AIM	10	30542827	G	394	1.00	0.27	1.0E+00	G	292	1.01	0.32	9.7E-01	G	281	0.87	0.34	6.8E-01
rs2009705	CAMK2B	7	44221559	C	394	0.88	0.19	5.1E-01	C	292	1.00	0.22	9.9E-01	C	281	0.78	0.24	3.0E-01
rs2012859	PICK1	22	36803652	A	391	1.17	0.16	3.2E-01	A	289	1.00	0.20	9.8E-01	A	280	1.50	0.20	4.2E-02
rs2017022	GALR3	22	36543329	A	378	0.90	0.15	5.0E-01	A	281	0.96	0.18	8.4E-01	A	268	0.82	0.19	3.1E-01
rs2017247	GABRB3	15	24340255	T	394	0.99	0.16	9.3E-01	T	292	1.04	0.20	8.3E-01	T	281	0.93	0.21	7.3E-01
rs2017365	DLG4	17	7063348	G	394	0.96	0.14	7.8E-01	G	292	0.84	0.18	3.3E-01	G	281	1.06	0.18	7.4E-01
rs2018636	GRIK1	21	29905636	C	394	0.82	0.15	1.9E-01	C	292	0.75	0.18	1.0E-01	C	281	0.89	0.18	5.3E-01
rs2020917	COMT	22	18308884	T	384	1.05	0.15	7.6E-01	T	284	1.14	0.19	4.9E-01	T	274	1.01	0.19	9.7E-01
rs2020933	SLC6A4	17	25585881	T	394	1.51	0.32	2.1E-01	T	292	1.46	0.39	3.4E-01	T	281	1.79	0.39	1.3E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2020942	SLC6A4	17	25571040	T	394	1.06	0.16	7.0E-01	T	292	1.03	0.19	8.7E-01	T	281	1.02	0.20	9.2E-01
rs2027765	P2RY6	11	72661678	G	393	1.17	0.15	2.9E-01	G	291	1.07	0.18	7.3E-01	G	281	1.19	0.19	3.5E-01
rs2029091	PPP3R1	2	68331452	C	391	0.96	0.14	8.0E-01	C	289	1.00	0.17	9.9E-01	C	279	0.96	0.17	8.2E-01
rs2036107	ADRA1A	8	26757361	G	394	0.95	0.16	7.5E-01	G	292	0.92	0.20	6.8E-01	G	281	0.89	0.20	5.7E-01
rs2036565	AIM	5	118560770	A	394	1.02	0.14	8.9E-01	A	292	1.08	0.17	6.8E-01	A	281	0.94	0.18	7.2E-01
rs204069	OPRD1	1	29067405	A	394	1.05	0.14	7.2E-01	A	292	1.01	0.17	9.8E-01	A	281	1.08	0.18	6.9E-01
rs2041837	PRKD3	2	37322068	G	394	0.88	0.15	3.8E-01	G	292	0.98	0.18	9.3E-01	G	281	0.83	0.19	3.1E-01
rs2041986	GRIN2B	12	13929237	A	394	0.96	0.17	8.0E-01	A	292	1.16	0.20	4.6E-01	A	281	0.77	0.22	2.3E-01
rs2044041	PPP3CA	4	102454392	A	393	1.03	0.15	8.4E-01	A	291	1.01	0.18	9.3E-01	A	281	1.11	0.18	5.6E-01
rs2049046	BDNF	11	27680351	A	379	0.80	0.15	1.3E-01	A	283	0.87	0.17	4.0E-01	A	270	0.71	0.18	6.0E-02
rs2051182	GRIK1	21	29905291	T	394	0.80	0.17	2.0E-01	T	292	0.78	0.21	2.5E-01	T	281	0.77	0.22	2.3E-01
rs2051394	RUNX1	21	35128012	G	394	0.90	0.14	4.4E-01	G	292	0.92	0.17	6.4E-01	G	281	0.82	0.17	2.5E-01
rs2052030	TRPM8	2	234592349	C	394	1.01	0.16	9.4E-01	C	292	1.11	0.19	5.8E-01	C	281	0.93	0.20	7.0E-01
rs20541	IL13	5	132023863	A	394	0.87	0.17	4.0E-01	A	292	0.90	0.21	6.3E-01	A	281	0.89	0.21	5.7E-01
rs2057894	CACNA2D1	7	81646551	C	394	0.95	0.15	7.1E-01	C	292	1.04	0.18	8.3E-01	C	281	0.84	0.19	3.6E-01
rs2060014	ATP1B3	3	143085724	T	394	1.09	0.29	7.7E-01	T	292	1.13	0.34	7.2E-01	T	281	1.01	0.37	9.7E-01
rs2060199	SCN2A	2	165904927	T	393	0.97	0.14	8.2E-01	T	291	0.92	0.18	6.4E-01	T	281	1.03	0.18	8.7E-01
rs2066470	MTHFR	1	11785644	A	394	1.00	0.22	1.0E+00	A	292	1.06	0.27	8.3E-01	A	281	1.04	0.29	8.9E-01
rs2066712	GABRG3	15	25446362	G	392	1.01	0.51	9.9E-01	G	290	0.82	0.64	7.5E-01	G	281	1.13	0.59	8.3E-01
rs2066713	SLC6A4	17	25575791	A	392	1.06	0.16	6.9E-01	A	290	1.04	0.19	8.4E-01	A	280	1.01	0.20	9.6E-01
rs2066960	IL13	5	132022334	A	394	0.74	0.26	2.5E-01	A	292	0.64	0.33	1.9E-01	A	281	0.77	0.33	4.3E-01
rs2067477	CHRM1	11	62434882	T	376	0.91	0.26	7.1E-01	T	278	0.78	0.33	4.6E-01	T	271	0.99	0.32	9.8E-01
rs2067482	CHRM4	11	46363343	A	387	1.45	0.20	5.9E-02	A	288	1.40	0.24	1.6E-01	A	274	1.47	0.24	1.0E-01
rs206811	XDH	2	31490419	A	394	1.08	0.15	6.1E-01	A	292	1.22	0.18	2.6E-01	A	281	0.98	0.18	9.2E-01
rs206812	XDH	2	31491373	C	393	0.98	0.15	8.8E-01	C	291	1.11	0.18	5.8E-01	C	280	0.86	0.19	4.2E-01
rs206847	XDH	2	31464871	T	394	1.08	0.15	6.1E-01	T	292	1.22	0.18	2.6E-01	T	281	0.97	0.19	8.6E-01
rs206851	XDH	2	31467586	A	394	1.00	0.16	1.0E+00	A	292	1.07	0.18	7.1E-01	A	281	0.98	0.20	9.0E-01
rs206860	XDH	2	31476308	G	394	1.14	0.15	4.0E-01	G	292	1.33	0.18	1.1E-01	G	281	1.00	0.20	1.0E+00
rs2069575	BDKRB2	14	95772340	A	393	0.88	0.16	4.2E-01	A	291	0.90	0.19	5.6E-01	A	281	0.82	0.20	3.3E-01
rs2069582	BDKRB2	14	95774905	G	394	0.90	0.16	5.2E-01	G	292	0.84	0.20	3.7E-01	G	281	0.93	0.20	7.4E-01
rs2069613	BDKRB1	14	95786485	C	394	0.86	0.16	3.7E-01	C	292	0.83	0.20	3.6E-01	C	281	0.86	0.21	4.9E-01
rs2069705	IFNG	12	66841278	G	389	1.30	0.16	1.0E-01	G	290	1.19	0.19	3.6E-01	G	278	1.38	0.20	9.9E-02
rs2069707	IFNG	12	66840555	C	394	0.71	0.30	2.4E-01	C	292	0.66	0.40	3.1E-01	C	281	0.85	0.37	6.6E-01
rs2069757	IL13	5	132026312	A	387	1.06	0.26	8.1E-01	A	287	1.34	0.30	3.3E-01	A	275	0.97	0.35	9.3E-01
rs2069762	IL2	4	123597430	C	394	1.09	0.16	5.8E-01	C	292	1.04	0.20	8.5E-01	C	281	1.19	0.20	3.8E-01
rs2069763	IL2	4	123596932	A	394	1.03	0.16	8.7E-01	A	292	1.11	0.20	5.9E-01	A	281	1.06	0.20	7.7E-01
rs2069772	IL2	4	123592583	C	394	1.00	0.16	1.0E+00	C	292	1.00	0.21	9.9E-01	C	281	1.03	0.21	8.8E-01
rs2069845	IL6	7	22736674	G	394	0.98	0.14	8.9E-01	G	292	1.01	0.17	9.5E-01	G	281	0.94	0.17	7.2E-01
rs2069849	IL6	7	22737681	T	394	1.00	0.46	1.0E+00	T	292	0.90	0.56	8.5E-01	T	281	1.01	0.56	9.8E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2070655	APP	21	26345432	T	394	1.41	0.15	2.3E-02	T	292	1.25	0.18	2.2E-01	T	281	1.57	0.18	1.4E-02
rs2070677	CYP2E1	10	135201164	T	394	1.06	0.24	8.1E-01	T	292	1.26	0.28	4.1E-01	T	281	0.81	0.32	5.0E-01
rs2070874	IL4	5	132037609	T	394	0.64	0.21	3.4E-02	T	292	0.59	0.26	4.6E-02	T	281	0.72	0.26	2.0E-01
rs2070995	KCNJ6	21	38008835	T	394	1.27	0.18	1.8E-01	T	292	1.45	0.21	8.1E-02	T	281	1.05	0.24	8.3E-01
rs2071029	RUNX1	21	35344348	T	394	0.91	0.20	6.2E-01	T	292	0.94	0.24	8.0E-01	T	281	0.91	0.26	7.1E-01
rs2071084	BDKRB1	14	95799895	A	394	1.32	0.19	1.5E-01	A	292	1.38	0.23	1.7E-01	A	281	1.39	0.25	1.9E-01
rs2071373	IL1A	2	113256555	G	394	1.04	0.16	8.1E-01	G	292	1.01	0.20	9.4E-01	G	281	1.25	0.21	2.9E-01
rs2071409	MPO	17	53703229	G	393	0.95	0.20	7.8E-01	G	292	0.98	0.25	9.3E-01	G	280	0.92	0.26	7.5E-01
rs2071493	ADRB3	8	37941010	C	394	0.69	0.26	1.6E-01	C	292	0.79	0.32	4.6E-01	C	281	0.66	0.35	2.3E-01
rs2071803	CACNA2D2	3	50382348	A	394	1.32	0.23	2.2E-01	A	292	1.17	0.27	5.7E-01	A	281	1.57	0.28	1.1E-01
rs2071863	MAPK13	6	36215150	A	391	0.77	0.20	1.8E-01	A	290	0.65	0.25	9.1E-02	A	279	0.96	0.25	8.8E-01
rs2072100	TAC1	7	97199720	T	393	1.07	0.15	6.6E-01	T	291	0.99	0.18	9.8E-01	T	281	1.13	0.18	5.0E-01
rs2072454	EGFR	7	55181842	C	394	0.80	0.14	1.1E-01	C	292	0.72	0.17	5.1E-02	C	281	0.92	0.18	6.4E-01
rs2072659	CHRN2	1	152815145	G	394	1.26	0.24	3.4E-01	G	292	1.46	0.28	1.7E-01	G	281	0.98	0.31	9.5E-01
rs2072878	MAPK11	22	49045186	G	378	0.77	0.49	6.0E-01	G	278	0.70	0.61	5.6E-01	G	269	0.77	0.61	6.7E-01
rs2074879	CACNA1A	19	13233589	T	394	0.98	0.15	8.8E-01	T	292	0.99	0.18	9.4E-01	T	281	0.97	0.18	8.8E-01
rs2075102	EGFR	7	55220799	C	380	1.05	0.15	7.4E-01	C	280	0.99	0.18	9.3E-01	C	269	1.09	0.19	6.6E-01
rs2075112	EGFR	7	55187105	A	388	0.82	0.14	1.5E-01	A	288	0.77	0.17	1.2E-01	A	276	0.88	0.17	4.8E-01
rs2075302	DPP4	2	162784392	C	393	0.94	0.15	6.7E-01	C	291	0.86	0.18	3.8E-01	C	280	1.07	0.18	7.2E-01
rs2075572	OPRM1	6	154453697	G	393	1.04	0.15	7.8E-01	G	291	1.04	0.18	8.5E-01	G	281	1.00	0.19	9.8E-01
rs2075912	RET	10	42942223	T	394	0.72	0.19	8.2E-02	T	292	0.70	0.23	1.2E-01	T	281	0.79	0.24	3.1E-01
rs2076369	PICK1	22	36793598	T	391	0.96	0.15	7.8E-01	T	290	1.09	0.17	6.3E-01	T	280	0.83	0.19	3.2E-01
rs2077171	NOS1	12	116240885	T	394	1.11	0.15	5.0E-01	T	292	1.35	0.18	9.1E-02	T	281	0.94	0.19	7.6E-01
rs2077647	ESR1	6	152170770	C	390	1.05	0.14	7.3E-01	C	290	1.00	0.17	9.9E-01	C	278	1.18	0.18	3.7E-01
rs208288	P2RX7	12	120072471	C	394	1.20	0.27	5.1E-01	C	292	1.43	0.32	2.7E-01	C	281	1.05	0.35	8.8E-01
rs2083422	GABRA2	4	45991701	T	392	0.98	0.14	8.7E-01	T	290	1.02	0.18	9.1E-01	T	281	0.96	0.18	8.0E-01
rs2084202	DBI	2	119841499	A	378	1.16	0.20	4.6E-01	A	279	1.14	0.24	5.8E-01	A	271	1.08	0.25	7.6E-01
rs2090414	PRKCE	2	45805925	A	392	1.05	0.15	7.7E-01	A	291	1.07	0.17	7.2E-01	A	279	1.03	0.18	8.9E-01
rs209345	GABRG2	5	161423965	C	394	1.60	0.33	1.6E-01	C	292	1.29	0.41	5.4E-01	C	281	1.83	0.38	1.1E-01
rs209350	GABRG2	5	161443374	T	394	1.04	0.19	8.5E-01	T	292	1.06	0.22	7.9E-01	T	281	0.89	0.24	6.3E-01
rs2097761	ACCN1	17	29511447	G	393	1.34	0.17	8.4E-02	G	291	1.28	0.20	2.3E-01	G	280	1.43	0.21	9.5E-02
rs2100432	ANXA2	15	58475136	A	393	1.10	0.16	5.5E-01	A	291	1.10	0.19	6.2E-01	A	280	1.12	0.20	5.7E-01
rs2102727	AIM	8	53063166	A	384	1.03	0.18	8.7E-01	A	283	1.12	0.21	5.9E-01	A	276	0.91	0.24	7.0E-01
rs2103043	ZFAND6	15	78213138	G	393	0.88	0.15	4.0E-01	G	291	1.01	0.18	9.7E-01	G	281	0.69	0.19	5.7E-02
rs2105380	GRK4	4	2952727	T	393	0.79	0.40	5.6E-01	T	291	0.91	0.46	8.5E-01	T	281	0.59	0.56	3.4E-01
rs2107538	CCL5	17	31231893	T	394	0.83	0.18	2.9E-01	T	292	0.76	0.23	2.3E-01	T	281	0.91	0.22	6.6E-01
rs211014	GABRG2	5	161508996	A	394	1.37	0.16	5.1E-02	A	292	1.31	0.19	1.6E-01	A	281	1.37	0.19	1.0E-01
rs211029	GABRG2	5	161465644	C	394	1.35	0.14	3.9E-02	C	292	1.28	0.17	1.6E-01	C	281	1.46	0.19	4.0E-02
rs211037	GABRG2	5	161460858	T	393	1.24	0.16	1.8E-01	T	291	1.27	0.19	2.2E-01	T	281	1.18	0.20	4.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2111375	TACR1	2	75281386	A	382	1.02	0.15	9.1E-01	A	280	1.21	0.18	2.9E-01	A	273	0.88	0.20	5.3E-01
rs2111850	DPP4	2	162599525	C	390	0.97	0.15	8.4E-01	C	289	1.00	0.18	9.9E-01	C	279	0.94	0.19	7.5E-01
rs2113418	KCNIP3	2	95352576	G	390	0.88	0.15	3.7E-01	G	290	0.78	0.18	1.9E-01	G	280	1.03	0.18	8.6E-01
rs2119767	GABRA2	4	46086330	A	391	0.90	0.15	5.1E-01	A	289	1.07	0.17	7.0E-01	A	278	0.73	0.20	1.2E-01
rs2120266	NTRK2	9	86646171	A	394	0.98	0.19	9.2E-01	A	292	0.96	0.24	8.7E-01	A	281	1.10	0.25	7.0E-01
rs2122822	DDC	7	50519646	G	394	1.05	0.15	7.6E-01	G	292	1.14	0.18	4.8E-01	G	281	0.95	0.19	7.8E-01
rs2130531	ARL5B	10	18987385	A	394	1.41	0.20	8.1E-02	A	292	1.26	0.24	3.3E-01	A	281	1.58	0.23	5.0E-02
rs2134647	PRKACB	1	84451006	C	394	0.83	0.15	2.1E-01	C	292	0.91	0.18	5.8E-01	C	281	0.77	0.18	1.6E-01
rs2134655	DRD3	3	115340891	T	393	0.99	0.16	9.7E-01	T	291	0.69	0.22	8.9E-02	T	281	1.32	0.20	1.6E-01
rs2138789	GRK7	3	142991441	A	394	1.07	0.18	7.2E-01	A	292	1.01	0.22	9.7E-01	A	281	1.11	0.22	6.2E-01
rs214482	APP	21	26225544	G	394	0.92	0.18	6.5E-01	G	292	0.79	0.23	3.1E-01	G	281	1.12	0.22	6.1E-01
rs2145362	MAPK14	6	36137133	C	394	0.60	0.25	4.2E-02	C	292	0.46	0.34	2.3E-02	C	281	0.74	0.30	3.1E-01
rs2148582	AGT	1	228916422	G	387	0.85	0.15	2.9E-01	G	287	0.87	0.18	4.4E-01	G	276	0.87	0.19	4.5E-01
rs2150906	NTRK1	1	155051980	T	393	1.34	0.31	3.5E-01	T	291	1.76	0.36	1.2E-01	T	281	1.07	0.41	8.7E-01
rs2151745	PRKD1	14	29468278	C	394	1.00	0.30	1.0E+00	C	292	1.20	0.35	6.1E-01	C	281	0.78	0.40	5.4E-01
rs2154487	GRIK1	21	29926665	G	391	0.84	0.14	2.1E-01	G	290	0.71	0.18	5.1E-02	G	278	0.95	0.17	7.6E-01
rs2160652	TACR1	2	75188279	T	394	0.88	0.15	4.0E-01	T	292	0.80	0.18	2.1E-01	T	281	0.97	0.19	8.7E-01
rs216535	CAMK4	5	110648760	A	394	0.93	0.15	6.5E-01	A	292	0.99	0.18	9.7E-01	A	281	0.86	0.19	4.3E-01
rs2168631	DRD1	5	174808608	A	394	1.10	0.18	5.9E-01	A	292	1.26	0.21	2.7E-01	A	281	0.91	0.23	6.9E-01
rs2172249	P2RY12	3	152543454	G	394	1.16	0.16	3.5E-01	G	292	1.03	0.20	8.7E-01	G	281	1.38	0.20	9.8E-02
rs2185136	INADL	1	62067018	G	394	1.17	0.28	5.8E-01	G	292	1.10	0.35	7.9E-01	G	281	1.57	0.34	1.9E-01
rs2185886	GRK4	4	2941295	C	394	1.00	0.15	1.0E+00	C	292	0.95	0.18	7.6E-01	C	281	1.02	0.18	9.2E-01
rs2188886	GLRA2	23	14629632	G	394	0.95	0.15	7.1E-01	G	292	0.83	0.18	3.2E-01	G	281	1.08	0.19	6.7E-01
rs2188931	GLRA2	23	14524494	T	394	0.79	0.49	6.3E-01	T	292	1.00	0.57	9.9E-01	T	281	0.66	0.68	5.5E-01
rs2190242	CRHR2	7	30676000	C	394	0.88	0.17	4.4E-01	C	292	0.85	0.22	4.5E-01	C	281	0.98	0.21	9.4E-01
rs2193511	GRIN2B	12	13896054	A	394	0.92	0.15	5.5E-01	A	292	0.79	0.19	2.0E-01	A	281	1.11	0.19	5.6E-01
rs2193595	AIM	14	76914874	G	394	1.02	0.14	8.9E-01	G	292	1.15	0.17	4.1E-01	G	281	0.89	0.17	5.2E-01
rs2194159	GABRB2	5	160704868	G	393	1.02	0.18	9.0E-01	G	291	0.92	0.22	7.0E-01	G	281	1.09	0.22	7.2E-01
rs2194958	GABRB3	15	24458502	C	394	0.85	0.15	2.6E-01	C	292	0.76	0.19	1.5E-01	C	281	0.87	0.19	4.8E-01
rs219872	GRIN2B	12	13966697	G	394	0.84	0.20	3.7E-01	G	292	0.82	0.25	4.3E-01	G	281	0.86	0.25	5.4E-01
rs219934	GRIN2B	12	14004982	A	394	0.91	0.14	5.2E-01	A	292	1.03	0.17	8.6E-01	A	281	0.84	0.18	3.5E-01
rs2205364	GABRG2	5	161492710	G	392	1.18	0.21	4.3E-01	G	290	1.05	0.26	8.5E-01	G	279	1.33	0.26	2.8E-01
rs220558	GRIN2B	12	13839332	A	394	1.02	0.15	8.8E-01	A	292	0.96	0.18	8.2E-01	A	281	1.07	0.19	7.3E-01
rs220575	GRIN2B	12	13848553	G	392	1.02	0.15	8.8E-01	G	290	0.96	0.18	8.0E-01	G	280	1.07	0.19	7.2E-01
rs220587	GRIN2B	12	13853537	C	394	1.13	0.15	4.2E-01	C	292	0.96	0.18	8.3E-01	C	281	1.31	0.19	1.5E-01
rs2206593	PTGS2	1	184909052	A	394	1.24	0.27	4.2E-01	A	292	1.24	0.32	5.0E-01	A	281	1.22	0.33	5.5E-01
rs2207231	ESR1	6	152371577	G	393	1.09	0.22	6.9E-01	G	291	0.83	0.28	5.1E-01	G	280	1.25	0.25	3.8E-01
rs2207396	ESR1	6	152424075	A	393	0.83	0.17	2.6E-01	A	291	0.90	0.20	6.1E-01	A	281	0.70	0.23	1.2E-01
rs2211842	KCNJ6	21	38105403	A	394	0.98	0.15	8.8E-01	A	292	0.94	0.18	7.2E-01	A	281	1.08	0.19	6.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2216307	TACR1	2	75246339	T	394	0.92	0.14	5.7E-01	T	292	0.84	0.18	3.2E-01	T	281	1.03	0.18	8.9E-01
rs2220128	AIM	1	184002536	A	394	0.99	0.16	9.4E-01	A	292	1.00	0.20	9.8E-01	A	281	0.98	0.20	9.1E-01
rs2220858	AIM	5	116660106	C	391	1.10	0.15	5.5E-01	C	290	1.35	0.19	1.1E-01	C	279	0.91	0.19	6.1E-01
rs2223307	PLA2G4A	1	185111549	C	394	1.04	0.15	8.2E-01	C	292	0.92	0.19	6.4E-01	C	281	1.14	0.19	5.1E-01
rs2223310	PLA2G4A	1	185143834	C	394	1.60	0.35	1.8E-01	C	292	1.05	0.47	9.1E-01	C	281	2.62	0.40	1.6E-02
rs2225979	AIM	9	9720381	A	384	1.06	0.14	6.8E-01	A	283	0.98	0.17	9.0E-01	A	274	1.02	0.17	9.1E-01
rs2227284	IL4	5	132040624	T	394	0.94	0.16	6.9E-01	T	292	0.94	0.19	7.6E-01	T	281	0.94	0.20	7.4E-01
rs2227306	IL8	4	74825919	T	394	0.86	0.14	2.6E-01	T	292	0.77	0.17	1.3E-01	T	281	0.97	0.18	8.5E-01
rs2227307	IL8	4	74825533	G	389	0.81	0.14	1.3E-01	G	288	0.73	0.17	6.2E-02	G	277	0.90	0.18	5.5E-01
rs2228014	CXCR4	2	136589554	A	394	1.20	0.35	6.0E-01	A	292	0.97	0.46	9.5E-01	A	281	1.50	0.40	3.2E-01
rs2228058	PTGER4	5	40717011	T	394	0.91	0.31	7.6E-01	T	292	1.43	0.34	2.9E-01	T	281	0.39	0.51	6.3E-02
rs2228480	ESR1	6	152461788	A	394	1.21	0.19	3.1E-01	A	292	1.02	0.23	9.3E-01	A	281	1.39	0.23	1.6E-01
rs2228989	ACCN1	17	29507383	G	394	0.83	0.18	2.9E-01	G	292	0.89	0.21	5.8E-01	G	281	0.78	0.23	2.7E-01
rs2228990	ACCN1	17	29507350	G	394	0.82	0.18	2.5E-01	G	292	0.88	0.21	5.3E-01	G	281	0.77	0.23	2.4E-01
rs2229109	ABCB1	7	87017745	T	394	1.29	0.42	5.4E-01	T	292	0.64	0.60	4.6E-01	T	281	1.94	0.46	1.5E-01
rs2229155	ADORA3	1	111844155	A	394	1.20	0.18	3.1E-01	A	292	1.02	0.23	9.3E-01	A	281	1.52	0.22	6.1E-02
rs2229181	ADRA1B	5	159276661	T	390	1.63	0.38	2.0E-01	T	288	1.38	0.46	4.8E-01	T	278	1.74	0.45	2.2E-01
rs2229579	CNR2	1	24073749	A	394	0.97	0.23	9.1E-01	A	292	0.82	0.30	5.1E-01	A	281	1.14	0.27	6.2E-01
rs2229580	CNR2	1	24073696	C	386	1.06	0.14	6.9E-01	C	286	1.28	0.17	1.6E-01	C	276	0.88	0.18	4.9E-01
rs2229894	SLC1A3	5	36722161	A	394	0.98	0.15	8.8E-01	A	292	0.80	0.19	2.6E-01	A	281	1.26	0.19	2.4E-01
rs2229910	NTRK3	15	86377189	C	394	1.16	0.14	2.9E-01	C	292	1.15	0.17	4.1E-01	C	281	1.21	0.18	3.0E-01
rs2229940	GABRA4	4	46690123	T	393	1.15	0.15	3.3E-01	T	291	1.11	0.18	5.4E-01	T	280	1.13	0.18	5.2E-01
rs2229944	GABRB2	5	160653897	A	393	0.87	0.31	6.6E-01	A	292	0.85	0.37	6.7E-01	A	280	0.89	0.39	7.5E-01
rs2230493	PRKCD	3	53188697	C	394	0.94	0.18	7.2E-01	C	292	0.71	0.23	1.3E-01	C	281	1.15	0.21	5.2E-01
rs2230674	ATF1	12	49494389	G	394	0.77	0.42	5.4E-01	G	292	0.76	0.52	6.1E-01	G	281	0.85	0.52	7.5E-01
rs2230912	P2RX7	12	120106579	G	394	1.16	0.21	4.7E-01	G	292	1.36	0.25	2.1E-01	G	281	1.09	0.27	7.5E-01
rs2231164	AIM	4	89234881	C	394	1.08	0.20	6.9E-01	C	292	0.91	0.25	7.2E-01	C	281	1.29	0.23	2.8E-01
rs2233409	NFKBIA	14	34944021	A	393	0.95	0.17	7.7E-01	A	291	1.04	0.20	8.7E-01	A	281	0.85	0.21	4.4E-01
rs2233419	NFKBIA	14	34941711	A	394	0.97	0.18	8.6E-01	A	292	1.06	0.21	7.9E-01	A	281	0.84	0.23	4.5E-01
rs2233647	PACSIN1	6	34614982	T	380	0.72	0.48	4.9E-01	T	282	1.11	0.54	8.5E-01	T	270	0.55	0.75	4.3E-01
rs2234676	IL1RN	2	113591899	A	394	1.02	0.15	8.8E-01	A	292	1.03	0.18	8.8E-01	A	281	1.04	0.20	8.4E-01
rs2234759	NPY2R	4	156349007	G	393	0.83	0.17	2.6E-01	G	291	0.73	0.22	1.5E-01	G	280	1.04	0.21	8.6E-01
rs2234918	OPRD1	1	29062184	C	385	1.01	0.15	9.5E-01	C	285	1.01	0.18	9.7E-01	C	276	1.00	0.19	9.9E-01
rs2234988	APP	21	26398958	A	394	0.88	0.15	3.7E-01	A	292	0.91	0.18	5.8E-01	A	281	0.86	0.19	4.1E-01
rs2235067	ABCB1	7	86987858	T	394	0.93	0.22	7.4E-01	T	292	0.70	0.29	2.2E-01	T	281	1.12	0.27	6.8E-01
rs2235749	PDYN	20	1907939	A	394	1.02	0.17	9.3E-01	A	292	0.97	0.21	8.7E-01	A	281	1.08	0.21	7.2E-01
rs2236418	GAD2	10	26545502	G	393	0.96	0.19	8.2E-01	G	291	0.97	0.23	9.0E-01	G	280	0.94	0.24	7.8E-01
rs2236624	ADORA2A	22	23166024	T	394	0.66	0.17	1.5E-02	T	292	0.74	0.21	1.5E-01	T	281	0.61	0.22	2.6E-02
rs2236781	GABRB1	4	46729844	G	394	0.90	0.15	4.6E-01	G	292	0.91	0.18	6.1E-01	G	281	0.80	0.18	2.2E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2236857	OPRD1	1	29034196	C	392	1.30	0.16	1.1E-01	C	290	1.26	0.19	2.4E-01	C	280	1.29	0.20	2.1E-01
rs2236953	CACNA2D2	3	50399186	T	388	1.10	0.22	6.7E-01	T	286	0.98	0.27	9.5E-01	T	278	1.16	0.26	5.6E-01
rs2236956	CACNA2D2	3	50415394	C	393	1.04	0.20	8.6E-01	C	291	0.96	0.25	8.7E-01	C	280	1.07	0.24	7.9E-01
rs2236964	CACNA2D2	3	50424066	G	394	1.02	0.21	9.2E-01	G	292	0.92	0.25	7.5E-01	G	281	1.07	0.25	7.7E-01
rs2237093	MAPK14	6	36143332	T	394	0.60	0.25	4.2E-02	T	292	0.46	0.34	2.3E-02	T	281	0.74	0.30	3.1E-01
rs2237094	MAPK14	6	36116122	C	394	0.80	0.30	4.6E-01	C	292	0.85	0.39	6.7E-01	C	281	0.96	0.39	9.2E-01
rs2237292	ETV1	7	13915042	C	394	0.90	0.16	5.1E-01	C	292	0.89	0.20	5.6E-01	C	281	0.98	0.21	9.4E-01
rs2237526	CACNA2D1	7	81850430	T	394	1.08	0.16	6.4E-01	T	292	1.13	0.19	5.4E-01	T	281	1.10	0.19	6.4E-01
rs2237528	CACNA2D1	7	81871256	C	394	1.17	0.17	3.5E-01	C	292	1.34	0.20	1.4E-01	C	281	0.97	0.22	8.7E-01
rs2238914	GLRA2	23	14522486	T	393	1.09	0.15	5.6E-01	T	291	0.90	0.18	5.5E-01	T	281	1.35	0.19	1.1E-01
rs2239372	PLAUR	19	48854794	G	394	1.04	0.14	7.8E-01	G	292	1.08	0.17	6.5E-01	G	281	0.94	0.18	7.2E-01
rs2239448	MAOA	23	43487623	T	393	0.98	0.15	9.0E-01	T	291	1.02	0.18	9.1E-01	T	280	0.89	0.19	5.5E-01
rs2239801	CACNA2D2	3	50377313	G	392	1.38	0.23	1.7E-01	G	291	1.24	0.28	4.4E-01	G	279	1.63	0.29	9.5E-02
rs2240403	CRHR2	7	30661727	T	382	1.04	0.29	8.8E-01	T	282	1.23	0.34	5.4E-01	T	273	0.83	0.39	6.2E-01
rs2240793	SLC6A7	5	149563493	T	394	0.92	0.17	6.2E-01	T	292	0.91	0.20	6.5E-01	T	281	0.83	0.21	4.0E-01
rs2241054	EGFR	7	55207473	A	394	0.87	0.16	3.8E-01	A	292	0.89	0.19	5.4E-01	A	281	0.79	0.21	2.5E-01
rs2241083	AIM	9	124854714	T	394	0.79	0.21	2.6E-01	T	292	0.75	0.27	2.9E-01	T	281	0.95	0.26	8.3E-01
rs2241164	GAD1	2	171394805	C	394	1.12	0.15	4.5E-01	C	292	1.16	0.19	4.2E-01	C	281	1.18	0.19	3.9E-01
rs2241719	TGFB1	19	46521421	A	394	1.08	0.20	7.0E-01	A	292	1.07	0.23	7.7E-01	A	281	1.01	0.25	9.6E-01
rs2242480	CYP3A4	7	99199402	T	392	1.35	0.25	2.3E-01	T	290	1.67	0.28	6.9E-02	T	280	1.04	0.32	9.0E-01
rs2243250	IL4	5	132037053	T	394	0.60	0.21	1.6E-02	T	292	0.54	0.27	2.1E-02	T	281	0.69	0.26	1.5E-01
rs2243291	IL4	5	132046882	C	394	0.70	0.20	7.5E-02	C	292	0.69	0.25	1.3E-01	C	281	0.72	0.26	2.1E-01
rs2245528	GRIK1	21	30231933	G	394	0.87	0.16	3.8E-01	G	292	0.74	0.20	1.3E-01	G	281	0.99	0.19	9.6E-01
rs2245532	SLC6A11	3	10951876	G	393	1.11	0.15	4.9E-01	G	291	1.22	0.18	2.9E-01	G	280	1.02	0.18	9.1E-01
rs2247445	EPHB4	7	100265199	A	385	1.03	0.17	8.9E-01	A	283	1.06	0.21	7.8E-01	A	275	1.05	0.21	8.2E-01
rs2248069	CACNA1A	19	13306208	C	394	1.07	0.15	6.5E-01	C	292	1.07	0.18	7.3E-01	C	281	1.04	0.19	8.4E-01
rs2248898	RUNX1	21	36276009	A	386	0.86	0.15	3.1E-01	A	286	0.70	0.19	6.0E-02	A	276	0.98	0.19	9.2E-01
rs2248989	GRIK1	21	29865858	A	394	0.87	0.16	3.7E-01	A	292	0.75	0.21	1.5E-01	A	281	1.03	0.21	8.8E-01
rs2249233	RUNX1	21	36278976	T	393	0.84	0.15	2.6E-01	T	291	0.68	0.19	4.0E-02	T	280	0.99	0.19	9.4E-01
rs2252430	MAPK13	6	36211899	G	394	1.73	0.36	1.2E-01	G	292	1.78	0.41	1.6E-01	G	281	1.50	0.44	3.5E-01
rs2252697	ADRA2B	2	96141917	G	389	0.94	0.15	6.7E-01	G	288	0.89	0.19	5.2E-01	G	277	1.04	0.19	8.2E-01
rs2253206	CREB1	2	208100223	A	394	0.85	0.15	2.7E-01	A	292	0.82	0.18	2.8E-01	A	281	0.87	0.19	4.5E-01
rs2255071	TAAR8	6	132922341	T	389	0.92	0.16	6.0E-01	T	289	0.92	0.19	6.5E-01	T	276	0.95	0.21	8.1E-01
rs2265	NTRK2	9	86521426	C	393	1.00	0.14	1.0E+00	C	291	1.04	0.18	8.4E-01	C	281	1.00	0.18	9.9E-01
rs2266968	MAPK1	22	20503358	A	393	0.81	0.38	5.7E-01	A	291	0.51	0.52	1.9E-01	A	280	1.07	0.43	8.7E-01
rs2267076	ADORA2A	22	23160595	T	394	0.61	0.16	2.2E-03	T	292	0.66	0.20	4.4E-02	T	281	0.61	0.20	1.4E-02
rs2267633	GABBR1	6	29678820	G	394	0.98	0.21	9.2E-01	G	292	0.82	0.27	4.5E-01	G	281	1.19	0.25	4.7E-01
rs2268125	GRIN2B	12	13831350	G	379	0.68	0.17	2.4E-02	G	281	0.48	0.23	1.5E-03	G	270	0.91	0.21	6.7E-01
rs2268130	GRIN2B	12	13859885	C	394	0.84	0.21	4.1E-01	C	292	0.68	0.29	1.8E-01	C	281	1.12	0.25	6.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2268278	RUNX1	21	35106809	A	394	0.78	0.15	9.8E-02	A	292	0.90	0.18	5.7E-01	A	281	0.70	0.20	6.3E-02
rs2268290	RUNX1	21	35158386	A	393	0.99	0.18	9.5E-01	A	291	1.02	0.22	9.3E-01	A	281	0.91	0.23	6.9E-01
rs2268666	GRM1	6	146787781	C	394	0.95	0.14	6.8E-01	C	292	0.91	0.17	5.8E-01	C	281	1.02	0.17	9.2E-01
rs2268894	DPP4	2	162564394	C	394	1.08	0.14	5.7E-01	C	292	1.17	0.17	3.5E-01	C	281	1.01	0.18	9.6E-01
rs2269272	SLC1A3	5	36723613	T	394	0.84	0.19	3.6E-01	T	292	0.63	0.24	5.6E-02	T	281	1.13	0.23	6.0E-01
rs2270935	SLC6A2	16	54276385	T	393	1.01	0.48	9.9E-01	T	291	1.27	0.55	6.7E-01	T	281	0.86	0.70	8.3E-01
rs2272395	SLC6A11	3	10942739	C	393	1.10	0.14	5.1E-01	C	291	1.11	0.17	5.4E-01	C	280	1.13	0.17	4.9E-01
rs2273653	STAU1	20	47204163	C	394	1.05	0.15	7.6E-01	C	292	1.22	0.18	2.9E-01	C	281	0.92	0.19	6.8E-01
rs2273815	PRKD1	14	29117331	C	394	1.33	0.17	9.4E-02	C	292	1.73	0.20	5.7E-03	C	281	0.98	0.23	9.3E-01
rs2274856	MPDZ	9	13166312	T	394	0.89	0.16	4.7E-01	T	292	0.86	0.20	4.4E-01	T	281	0.96	0.20	8.4E-01
rs2274976	MTHFR	1	11773514	T	394	0.90	0.33	7.5E-01	T	292	1.05	0.39	9.0E-01	T	281	0.85	0.43	7.0E-01
rs2275797	ADORA3	1	111834808	C	393	0.91	0.29	7.6E-01	C	291	0.90	0.37	7.7E-01	C	280	1.01	0.38	9.9E-01
rs2276008	MAPK1	22	20444036	C	394	2.52	0.43	3.3E-02	C	292	1.14	0.58	8.3E-01	C	281	3.99	0.46	2.8E-03
rs2276038	P2RX3	11	56894000	T	394	0.93	0.14	6.1E-01	T	292	1.15	0.17	4.3E-01	T	281	0.74	0.18	9.6E-02
rs2276039	P2RX3	11	56893947	A	393	0.95	0.15	7.2E-01	A	291	1.19	0.18	3.3E-01	A	280	0.76	0.19	1.4E-01
rs2276317	VPS4B	18	59217443	G	394	0.95	0.14	7.3E-01	G	292	1.09	0.17	6.2E-01	G	281	0.85	0.17	3.6E-01
rs2276643	ACCN4	2	220108195	G	383	1.58	0.18	1.1E-02	G	284	1.54	0.21	3.7E-02	G	274	1.63	0.22	3.0E-02
rs2277193	NTRK2	9	86763829	C	394	1.08	0.14	6.2E-01	C	292	0.95	0.18	8.0E-01	C	281	1.15	0.18	4.3E-01
rs2277675	TRPV1	17	3447259	C	393	1.01	0.16	9.7E-01	C	291	1.03	0.19	8.6E-01	C	280	0.98	0.21	9.2E-01
rs2278071	CHRM2	7	136233540	C	394	1.21	0.17	2.5E-01	C	292	1.35	0.20	1.3E-01	C	281	1.08	0.21	7.2E-01
rs2281285	PDYN	20	1920460	C	391	0.94	0.21	7.6E-01	C	289	0.90	0.26	6.8E-01	C	278	0.95	0.26	8.4E-01
rs2281547	XDH	2	31452327	C	394	0.82	0.16	2.1E-01	C	292	0.69	0.20	6.3E-02	C	281	0.97	0.20	8.7E-01
rs2282754	CACNA2D2	3	50411831	C	394	0.98	0.20	9.2E-01	C	292	0.87	0.25	5.7E-01	C	281	1.05	0.24	8.4E-01
rs2283791	MAPK1	22	20460945	G	394	1.15	0.14	3.3E-01	G	292	0.97	0.17	8.8E-01	G	281	1.34	0.17	8.9E-02
rs2284217	CRHR2	7	30680133	A	378	1.17	0.19	4.0E-01	A	280	1.12	0.24	6.4E-01	A	268	1.32	0.23	2.3E-01
rs2284220	CRHR2	7	30684628	G	394	0.96	0.20	8.4E-01	G	292	0.78	0.27	3.5E-01	G	281	1.22	0.24	4.3E-01
rs2284239	GRIN2A	16	9829003	C	394	1.11	0.16	5.1E-01	C	292	1.16	0.19	4.4E-01	C	281	1.13	0.20	5.4E-01
rs2284402	GRIN2B	12	13667225	G	391	0.93	0.15	6.2E-01	G	289	0.92	0.18	6.5E-01	G	279	0.92	0.19	6.7E-01
rs2284406	GRIN2B	12	13716683	C	394	1.02	0.15	8.8E-01	C	292	1.09	0.18	6.5E-01	C	281	1.02	0.20	9.4E-01
rs2284411	GRIN2B	12	13757439	T	394	0.96	0.16	8.1E-01	T	292	0.96	0.20	8.4E-01	T	281	0.98	0.20	9.2E-01
rs2284613	RUNX1	21	35140134	G	393	0.82	0.15	1.9E-01	G	291	0.85	0.18	3.6E-01	G	280	0.80	0.19	2.2E-01
rs2285096	PDGFB	22	37952336	C	389	1.10	0.15	5.1E-01	C	289	0.98	0.19	9.2E-01	C	277	1.15	0.18	4.5E-01
rs2285676	KCNJ11	11	17364601	G	394	0.99	0.15	9.4E-01	G	292	1.02	0.17	9.0E-01	G	281	0.91	0.19	6.0E-01
rs2287715	GNB2L1	5	180601976	G	394	1.25	0.17	1.9E-01	G	292	1.31	0.21	2.0E-01	G	281	1.31	0.21	1.9E-01
rs2288337	HNRNPD	4	83514940	A	394	1.24	0.20	2.8E-01	A	292	1.19	0.24	4.7E-01	A	281	1.32	0.24	2.4E-01
rs2288338	HNRNPD	4	83493658	T	392	1.27	0.16	1.3E-01	T	290	1.23	0.19	2.8E-01	T	279	1.27	0.19	2.1E-01
rs2288397	CAMK4	5	110634040	T	393	0.96	0.18	8.3E-01	T	291	1.14	0.22	5.4E-01	T	280	0.76	0.24	2.6E-01
rs2288645	ACCN3	7	150378679	A	391	0.89	0.18	5.4E-01	A	291	1.01	0.22	9.5E-01	A	280	0.71	0.24	1.5E-01
rs2289658	NTRK2	9	86753190	C	393	0.60	0.33	1.2E-01	C	291	0.33	0.51	3.0E-02	C	281	0.88	0.38	7.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2289948	DBI	2	119846668	C	394	0.77	0.17	1.3E-01	C	292	0.62	0.23	3.3E-02	C	281	0.92	0.21	6.8E-01
rs2289954	SLC6A13	12	202623	T	394	1.06	0.17	7.3E-01	T	292	1.00	0.21	9.8E-01	T	281	1.22	0.21	3.6E-01
rs2289957	SLC6A13	12	217329	T	390	0.81	0.14	1.5E-01	T	289	0.83	0.18	3.0E-01	T	279	0.78	0.18	1.7E-01
rs2292898	ACSL1	4	185923026	C	394	0.96	0.16	8.1E-01	C	292	1.09	0.19	6.5E-01	C	281	0.77	0.20	1.9E-01
rs2293052	NOS1	12	116200003	A	394	0.97	0.15	8.2E-01	A	292	0.83	0.18	3.1E-01	A	281	1.10	0.18	6.1E-01
rs2293054	NOS1	12	116186097	A	394	0.95	0.16	7.5E-01	A	292	1.15	0.19	4.7E-01	A	281	0.76	0.20	1.7E-01
rs2293347	EGFR	7	55236410	T	394	0.91	0.24	7.2E-01	T	292	0.84	0.30	5.8E-01	T	281	1.01	0.30	9.7E-01
rs2294100	IKKBK	8	42294460	A	391	0.60	0.31	9.7E-02	A	289	0.50	0.40	8.3E-02	A	279	0.70	0.38	3.4E-01
rs2295475	XDH	2	31443351	A	394	1.05	0.16	7.6E-01	A	292	1.02	0.19	9.2E-01	A	281	1.09	0.19	6.4E-01
rs2295621	KCNJ9	1	158329351	G	394	1.36	0.19	1.1E-01	G	292	1.44	0.23	1.2E-01	G	281	1.35	0.24	2.1E-01
rs2295633	FAAH	1	46646970	A	394	1.19	0.15	2.4E-01	A	292	1.18	0.18	3.6E-01	A	281	1.18	0.18	3.8E-01
rs2296575	PACSIN1	6	34605945	A	394	0.56	0.64	3.7E-01	A	292	0.90	0.72	8.8E-01	A	281	0.33	1.09	3.1E-01
rs2296972	HTR2A	13	46326472	A	393	0.95	0.16	7.3E-01	A	291	1.07	0.19	7.2E-01	A	281	0.80	0.20	2.5E-01
rs2297025	GBP2	1	89355290	G	393	0.66	0.54	4.4E-01	G	292	0.27	1.03	2.0E-01	G	280	1.02	0.58	9.7E-01
rs2297518	NOS2A	17	23120724	A	394	0.81	0.19	2.7E-01	A	292	0.80	0.23	3.2E-01	A	281	0.81	0.24	3.8E-01
rs2298432	MAPK1	22	20453189	A	394	0.90	0.14	4.8E-01	A	292	1.04	0.17	8.4E-01	A	281	0.78	0.19	1.9E-01
rs2298734	MAP2K1IP1	4	101035123	A	392	0.88	0.53	8.1E-01	A	292	1.53	0.62	4.9E-01	A	279	0.68	0.83	6.4E-01
rs2298771	SCN1A	2	166601034	C	394	1.23	0.15	1.8E-01	C	292	0.96	0.20	8.4E-01	C	281	1.50	0.18	2.7E-02
rs2298895	OPRD1	1	29051511	T	394	0.74	0.35	3.9E-01	T	292	0.66	0.45	3.6E-01	T	281	0.85	0.43	7.0E-01
rs2298896	OPRD1	1	29038725	G	394	1.24	0.15	1.7E-01	G	292	1.21	0.19	3.0E-01	G	281	1.21	0.19	3.3E-01
rs2300164	PTGER3	1	71226940	T	394	0.82	0.18	2.7E-01	T	292	0.73	0.23	1.8E-01	T	281	0.84	0.23	4.4E-01
rs2300181	CAT	11	34433115	T	393	0.95	0.16	7.7E-01	T	291	0.97	0.20	8.9E-01	T	280	0.94	0.20	7.7E-01
rs2300400	RUNX1	21	35176677	C	394	1.33	0.17	9.3E-02	C	292	1.41	0.20	8.6E-02	C	281	1.23	0.22	3.4E-01
rs2300626	GRM1	6	146771510	G	394	0.91	0.43	8.3E-01	G	292	1.52	0.47	3.7E-01	G	281	0.35	0.78	1.8E-01
rs2300755	DPP4	2	162592208	A	394	1.06	0.15	7.1E-01	A	292	1.12	0.18	5.3E-01	A	281	0.98	0.19	9.2E-01
rs2300782	CAMK4	5	110816684	T	394	0.92	0.14	5.8E-01	T	292	0.80	0.18	2.0E-01	T	281	1.07	0.17	7.1E-01
rs2300880	PRKD3	2	37390989	G	394	0.93	0.14	6.2E-01	G	292	0.96	0.17	8.3E-01	G	281	0.94	0.18	7.1E-01
rs2301106	HIF1A	14	61236316	C	393	0.76	0.20	1.8E-01	C	291	0.95	0.23	8.4E-01	C	280	0.52	0.29	2.3E-02
rs2302524	PLAUR	19	48848312	C	392	0.98	0.19	9.3E-01	C	291	0.83	0.24	4.4E-01	C	279	1.19	0.22	4.4E-01
rs2302650	PRKD3	2	37348095	G	394	1.08	0.20	6.9E-01	G	292	0.68	0.27	1.5E-01	G	281	1.52	0.23	7.3E-02
rs2303432	OPRK1	8	54319770	A	394	0.75	0.25	2.6E-01	A	292	0.85	0.30	5.9E-01	A	281	0.67	0.34	2.4E-01
rs2303928	ACCN3	7	150370263	G	392	0.69	0.16	1.9E-02	G	290	0.70	0.19	5.8E-02	G	281	0.64	0.20	2.6E-02
rs2303998	P2RX4	12	120139446	A	394	1.00	0.54	1.0E+00	A	292	1.31	0.60	6.6E-01	A	281	0.57	0.81	4.9E-01
rs2304389	GABBR2	9	100108401	A	394	1.21	0.20	3.3E-01	A	292	1.14	0.24	5.8E-01	A	281	1.37	0.24	2.0E-01
rs2304595	KLKB1	4	187409274	A	394	1.40	0.15	2.3E-02	A	292	1.34	0.18	1.1E-01	A	281	1.39	0.19	7.8E-02
rs2304725	SLC6A11	3	10860920	C	390	0.87	0.15	3.7E-01	C	288	0.93	0.18	7.1E-01	C	277	0.75	0.19	1.4E-01
rs2306574	PRKCD	3	53197801	C	394	1.22	0.18	2.7E-01	C	292	1.42	0.22	1.1E-01	C	281	1.11	0.23	6.6E-01
rs2306630	CCL5	17	31206454	A	394	1.00	0.20	1.0E+00	A	292	0.89	0.26	6.6E-01	A	281	1.14	0.24	6.0E-01
rs2307023	KCNJ8	12	21804552	G	394	1.18	0.15	2.7E-01	G	292	1.14	0.18	4.5E-01	G	281	1.20	0.18	3.3E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2307198	PLA2G4A	1	185213535	G	393	1.21	0.61	7.5E-01	G	291	0.72	0.85	7.0E-01	G	281	1.65	0.68	4.7E-01
rs2323973	P2RX2	12	131695746	G	393	1.16	0.19	4.3E-01	G	291	1.03	0.23	9.0E-01	G	280	1.30	0.23	2.4E-01
rs2328729	GRM1	6	146561084	A	394	1.10	0.31	7.6E-01	A	292	1.27	0.36	5.0E-01	A	281	0.91	0.40	8.1E-01
rs2329341	DDC	7	50587769	C	394	1.16	0.15	3.2E-01	C	292	1.38	0.18	7.6E-02	C	281	0.94	0.19	7.6E-01
rs2330951	EGFR	7	55141836	C	394	1.15	0.17	4.0E-01	C	292	1.22	0.20	3.2E-01	C	281	1.16	0.22	5.1E-01
rs2339630	PRKG1	10	52548730	A	394	0.55	0.21	5.3E-03	A	292	0.58	0.26	3.7E-02	A	281	0.51	0.28	1.7E-02
rs2345275	AIM	4	158944273	C	393	1.00	0.15	9.9E-01	C	291	1.00	0.18	9.8E-01	C	280	0.99	0.19	9.4E-01
rs2347867	ESR1	6	152271543	G	392	1.00	0.16	1.0E+00	G	290	0.90	0.20	6.0E-01	G	280	1.08	0.20	7.1E-01
rs2350786	CHRM2	7	136327110	A	394	1.42	0.16	2.3E-02	A	292	1.34	0.19	1.3E-01	A	281	1.54	0.19	2.2E-02
rs2363557	KCNK2	1	213387083	A	394	1.20	0.17	2.8E-01	A	292	1.48	0.20	4.8E-02	A	281	1.00	0.22	9.9E-01
rs2363561	KCNK2	1	213321930	T	394	0.95	0.14	7.2E-01	T	292	1.14	0.18	4.6E-01	T	281	0.83	0.18	3.2E-01
rs2363563	KCNK2	1	213352729	G	394	1.12	0.14	4.3E-01	G	292	0.90	0.18	5.5E-01	G	281	1.35	0.18	1.0E-01
rs2363565	KCNK2	1	213400702	G	394	1.08	0.15	6.1E-01	G	292	1.35	0.18	8.7E-02	G	281	0.88	0.19	5.1E-01
rs2365738	INADL	1	62241986	A	394	0.82	0.18	2.7E-01	A	292	0.77	0.23	2.5E-01	A	281	0.87	0.23	5.4E-01
rs2367707	EREG	4	75467298	A	394	0.88	0.17	4.6E-01	A	292	0.87	0.20	4.8E-01	A	281	0.79	0.21	2.7E-01
rs2367912	CACNA2D1	7	81658997	C	394	0.99	0.17	9.3E-01	C	292	0.95	0.20	7.9E-01	C	281	0.99	0.21	9.4E-01
rs2376481	GABRG3	15	24803459	A	394	0.91	0.14	5.2E-01	A	292	0.81	0.18	2.5E-01	A	281	1.06	0.18	7.3E-01
rs2376805	GABRD	1	1946222	G	393	0.99	0.20	9.7E-01	G	291	1.18	0.24	4.8E-01	G	280	0.93	0.25	7.6E-01
rs2378676	NTRK2	9	86809243	A	394	1.09	0.14	5.2E-01	A	292	0.97	0.17	8.7E-01	A	281	1.19	0.18	3.4E-01
rs2383515	PTGS2	1	184919575	T	394	1.26	0.21	2.6E-01	T	292	1.49	0.25	1.0E-01	T	281	1.01	0.27	9.6E-01
rs2388511	AIM	10	3038498	C	394	0.75	0.20	1.5E-01	C	292	0.65	0.25	9.3E-02	C	281	0.82	0.24	4.2E-01
rs2389717	PRKACB	1	84466830	T	394	1.25	0.18	2.1E-01	T	292	1.59	0.21	2.9E-02	T	281	0.89	0.24	6.2E-01
rs2390165	SCN3A	2	165768165	A	394	0.84	0.14	2.3E-01	A	292	0.79	0.18	1.8E-01	A	281	0.84	0.17	3.0E-01
rs2391333	EFNB2	13	105964695	T	393	1.07	0.15	6.4E-01	T	291	1.05	0.18	8.1E-01	T	280	1.08	0.19	6.7E-01
rs2395655	CDKN1A	6	36753674	G	394	0.98	0.15	8.8E-01	G	292	1.02	0.19	9.0E-01	G	281	0.92	0.19	6.8E-01
rs2400707	ADRB2	5	148185245	A	392	1.14	0.14	3.6E-01	A	291	1.09	0.17	6.2E-01	A	279	1.26	0.17	1.8E-01
rs2409710	AIM	8	11017231	A	394	0.98	0.14	8.9E-01	A	292	0.90	0.17	5.3E-01	A	281	1.11	0.19	5.8E-01
rs2409943	KCNJ6	21	38166041	C	394	0.91	0.15	5.1E-01	C	292	1.00	0.17	9.9E-01	C	281	0.85	0.18	3.9E-01
rs2410633	ATP6V1B2	8	20105136	T	389	1.03	0.16	8.4E-01	T	289	0.93	0.20	7.1E-01	T	278	1.08	0.20	7.0E-01
rs2416504	AIM	5	117436991	C	394	1.31	0.14	5.8E-02	C	292	1.42	0.17	4.4E-02	C	281	1.23	0.18	2.5E-01
rs2416791	AIM	12	11592755	A	394	1.02	0.21	9.2E-01	A	292	1.23	0.25	4.1E-01	A	281	0.89	0.28	6.8E-01
rs2419248	CACNA1A	19	13292486	T	394	1.03	0.16	8.7E-01	T	292	1.12	0.19	5.6E-01	T	281	0.96	0.21	8.4E-01
rs2426143	STAU1	20	47234564	C	393	1.09	0.22	6.9E-01	C	291	1.11	0.26	7.0E-01	C	280	1.06	0.27	8.4E-01
rs2427400	NTSR1	20	60806120	A	381	1.36	0.20	1.3E-01	A	283	1.22	0.25	4.2E-01	A	271	1.52	0.24	8.1E-02
rs2427430	NTSR1	20	60836902	G	390	0.87	0.15	3.3E-01	G	289	0.99	0.17	9.5E-01	G	278	0.75	0.20	1.5E-01
rs2427440	NTSR1	20	60860875	G	384	0.76	0.22	2.0E-01	G	283	0.73	0.27	2.5E-01	G	275	0.79	0.28	4.0E-01
rs242924	CRHR1	17	41241147	T	394	0.96	0.14	7.8E-01	T	292	0.94	0.17	7.0E-01	T	281	0.94	0.18	7.2E-01
rs2434722	CAMK4	5	110612233	G	394	0.99	0.16	9.4E-01	G	292	0.85	0.20	4.2E-01	G	281	1.14	0.20	5.0E-01
rs2435355	RET	10	42944839	C	394	1.11	0.17	5.5E-01	C	292	1.17	0.20	4.5E-01	C	281	1.00	0.21	1.0E+00

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2443168	GALR2	17	71578042	A	394	1.12	0.14	4.3E-01	A	292	1.25	0.18	2.0E-01	A	281	0.96	0.18	8.3E-01
rs246129	VPS4A	16	67899282	A	394	0.99	0.16	9.4E-01	A	292	0.96	0.19	8.1E-01	A	281	0.95	0.20	8.1E-01
rs2461491	PPP3CC	8	22417197	G	393	0.97	0.14	8.2E-01	G	291	1.03	0.18	8.9E-01	G	281	0.89	0.18	5.4E-01
rs2461641	ZFAND6	15	78151811	A	394	0.77	0.16	9.1E-02	A	292	0.76	0.19	1.5E-01	A	281	0.67	0.20	4.8E-02
rs246760	AIM	5	5633216	C	394	1.18	0.17	3.4E-01	C	292	1.22	0.20	3.4E-01	C	281	1.03	0.22	8.9E-01
rs2469749	PPP3CC	8	22413543	T	394	0.93	0.15	6.1E-01	T	292	0.86	0.18	4.1E-01	T	281	1.03	0.18	8.7E-01
rs2471347	GRK4	4	3014233	G	390	1.20	0.15	2.1E-01	G	289	1.18	0.18	3.7E-01	G	278	1.11	0.18	5.6E-01
rs2471350	GRK4	4	2984117	A	388	1.07	0.16	6.6E-01	A	287	0.95	0.19	8.0E-01	A	276	1.15	0.19	4.8E-01
rs2475376	CYP2C9	10	96702390	A	394	2.01	0.22	1.9E-03	A	292	2.18	0.27	3.9E-03	A	281	2.08	0.27	7.1E-03
rs2481676	INADL	1	62400263	G	394	1.08	0.15	6.1E-01	G	292	1.13	0.18	4.9E-01	G	281	1.02	0.18	9.2E-01
rs2486448	AIM	9	71028805	G	392	1.09	0.15	5.5E-01	G	290	1.09	0.18	6.4E-01	G	279	1.18	0.19	3.8E-01
rs2497510	HTR2C	23	113919398	A	393	0.83	0.20	3.4E-01	A	292	0.85	0.24	5.0E-01	A	280	0.77	0.26	3.0E-01
rs2497515	HTR2C	23	113909654	C	394	0.84	0.20	3.7E-01	C	292	0.88	0.24	6.1E-01	C	281	0.76	0.26	2.8E-01
rs2497529	HTR2C	23	113898788	A	394	0.82	0.20	3.2E-01	A	292	0.85	0.24	5.0E-01	A	281	0.76	0.26	2.8E-01
rs2497551	HTR2C	23	113867237	A	394	0.81	0.20	2.8E-01	A	292	0.83	0.24	4.4E-01	A	281	0.78	0.25	3.3E-01
rs2498982	INADL	1	62289271	G	394	1.07	0.15	6.6E-01	G	292	0.96	0.18	8.3E-01	G	281	1.16	0.19	4.3E-01
rs2501397	CNR2	1	24090279	C	393	1.19	0.19	3.6E-01	C	291	1.08	0.24	7.6E-01	C	280	1.27	0.22	2.8E-01
rs2502967	CNR2	1	24092304	A	393	1.28	0.18	1.8E-01	A	291	1.18	0.24	4.9E-01	A	280	1.34	0.22	1.8E-01
rs2502993	CNR2	1	24073849	A	385	1.07	0.14	6.4E-01	A	284	1.31	0.17	1.3E-01	A	277	0.88	0.18	4.9E-01
rs2508467	GRIA4	11	105263314	A	391	0.87	0.17	4.2E-01	A	290	0.90	0.20	6.1E-01	A	278	0.79	0.22	2.8E-01
rs251007	CAMK4	5	110829717	T	393	1.34	0.16	7.3E-02	T	291	1.58	0.19	1.7E-02	T	280	1.10	0.21	6.6E-01
rs2511034	GRIA3	23	122359553	C	394	0.70	0.30	2.3E-01	C	292	0.40	0.46	4.8E-02	C	281	1.01	0.35	9.7E-01
rs2511241	P2RY2	11	72622989	C	392	1.03	0.25	9.0E-01	C	290	1.15	0.29	6.3E-01	C	280	0.94	0.33	8.4E-01
rs2515641	CYP2E1	10	135201352	T	394	1.06	0.24	8.1E-01	T	292	1.26	0.28	4.1E-01	T	281	0.81	0.32	5.0E-01
rs2515642	CYP2E1	10	135202003	C	394	1.23	0.17	2.3E-01	C	292	1.57	0.20	2.5E-02	C	281	0.92	0.22	7.0E-01
rs2517956	ERBB2	17	35097385	G	394	0.75	0.15	5.8E-02	G	292	0.93	0.18	6.9E-01	G	281	0.61	0.21	1.8E-02
rs2519154	DBH	9	135502096	C	391	1.06	0.15	7.2E-01	C	289	1.19	0.18	3.5E-01	C	278	0.94	0.20	7.5E-01
rs2520482	IFRD1	7	111850878	C	393	1.07	0.19	7.3E-01	C	291	1.16	0.22	5.1E-01	C	280	1.01	0.24	9.8E-01
rs2529587	IFRD1	7	111889970	A	394	1.16	0.19	4.5E-01	A	292	0.94	0.25	7.8E-01	A	281	1.51	0.24	8.1E-02
rs2535609	ADORA2B	17	15797465	G	394	1.22	0.18	2.6E-01	G	292	1.26	0.22	2.8E-01	G	281	1.15	0.22	5.2E-01
rs255125	CRHR2	7	30709536	A	394	1.10	0.16	5.7E-01	A	292	1.12	0.19	5.5E-01	A	281	1.17	0.20	4.5E-01
rs2551640	CREB1	2	208116138	G	394	0.99	0.15	9.4E-01	G	292	0.89	0.18	5.3E-01	G	281	1.08	0.19	6.8E-01
rs2551922	CREB1	2	208146805	A	394	1.00	0.38	1.0E+00	A	292	0.83	0.48	7.0E-01	A	281	1.09	0.46	8.6E-01
rs2551928	CREB1	2	208174023	A	394	0.91	0.19	6.4E-01	A	292	0.87	0.23	5.6E-01	A	281	0.91	0.23	6.9E-01
rs256008	HSPA9	5	137938570	G	394	0.61	0.36	1.7E-01	G	292	0.54	0.47	1.9E-01	G	281	0.68	0.46	4.1E-01
rs2562581	SLC1A3	5	36640857	A	394	0.93	0.22	7.4E-01	A	292	0.81	0.28	4.6E-01	A	281	1.15	0.27	6.1E-01
rs25644	P2RX4	12	120151029	G	394	0.86	0.24	5.4E-01	G	292	0.42	0.37	2.0E-02	G	281	1.28	0.27	3.8E-01
rs2565200	RET	10	42942939	T	394	0.72	0.19	8.2E-02	T	292	0.70	0.23	1.2E-01	T	281	0.79	0.24	3.1E-01
rs25702	FMR1	23	146830378	A	394	0.93	0.28	7.8E-01	A	292	1.18	0.31	6.1E-01	A	281	0.63	0.40	2.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs25704	FMR1	23	146839230	T	393	0.99	0.17	9.7E-01	T	291	1.15	0.20	4.9E-01	T	280	0.80	0.22	3.1E-01
rs25707	FMR1	23	146818012	A	394	1.16	0.28	5.8E-01	A	292	0.89	0.34	7.5E-01	A	281	1.35	0.32	3.6E-01
rs25714	FMR1	23	146825838	T	393	0.92	0.28	7.7E-01	T	291	1.17	0.31	6.2E-01	T	280	0.62	0.40	2.4E-01
rs25727	FMR1	23	146811486	C	394	1.14	0.19	5.0E-01	C	292	1.06	0.24	8.2E-01	C	281	1.24	0.23	3.6E-01
rs2576573	PENK	8	57520529	A	393	0.99	0.15	9.4E-01	A	291	1.16	0.18	4.0E-01	A	281	0.89	0.19	5.3E-01
rs2581206	SLC6A11	3	10928549	C	382	0.95	0.15	7.1E-01	C	281	0.94	0.18	7.3E-01	C	272	0.91	0.18	6.3E-01
rs2583389	PPP3CA	4	102490484	T	384	0.86	0.17	3.7E-01	T	287	0.87	0.20	4.8E-01	T	271	0.81	0.21	3.2E-01
rs258763	NR3C1	5	142632554	T	394	0.90	0.14	4.5E-01	T	292	0.91	0.17	5.7E-01	T	281	0.87	0.17	4.1E-01
rs2591154	KCNJ3	2	155359446	T	394	1.00	0.20	1.0E+00	T	292	0.81	0.26	4.1E-01	T	281	1.16	0.24	5.4E-01
rs25923	CAMK4	5	110824997	G	394	0.92	0.15	6.0E-01	G	292	0.98	0.18	9.0E-01	G	281	0.85	0.19	3.7E-01
rs2598414	GALR2	17	71578694	T	393	1.18	0.15	2.7E-01	T	291	1.28	0.18	1.6E-01	T	280	1.04	0.18	8.2E-01
rs2600072	SLC6A11	3	10832067	C	384	0.89	0.16	4.7E-01	C	285	1.02	0.19	9.0E-01	C	273	0.74	0.21	1.6E-01
rs2625956	AIM	3	130747960	G	393	0.94	0.19	7.5E-01	G	291	0.82	0.24	4.2E-01	G	280	1.10	0.23	6.8E-01
rs2626018	AIM	3	124774156	A	394	1.14	0.16	4.2E-01	A	292	1.10	0.20	6.2E-01	A	281	1.18	0.20	4.2E-01
rs2629133	SLC6A11	3	10910558	C	394	0.90	0.16	5.1E-01	C	292	0.96	0.20	8.4E-01	C	281	0.79	0.21	2.5E-01
rs2629135	SLC6A11	3	10936430	C	394	1.17	0.25	5.3E-01	C	292	1.14	0.30	6.7E-01	C	281	1.15	0.31	6.5E-01
rs2630349	DRD3	3	115356062	A	394	1.00	0.29	1.0E+00	A	292	1.01	0.36	9.7E-01	A	281	1.16	0.36	6.9E-01
rs2638360	AGTR1	3	149911046	G	394	0.80	0.19	2.5E-01	G	292	0.82	0.24	4.1E-01	G	281	0.85	0.24	5.1E-01
rs2642183	PRKACB	1	84376075	A	394	1.20	0.17	2.8E-01	A	292	1.55	0.20	2.7E-02	A	281	0.82	0.22	3.5E-01
rs2644596	NTRK1	1	155118938	G	394	1.20	0.17	2.8E-01	G	292	1.23	0.21	3.2E-01	G	281	1.28	0.21	2.3E-01
rs2645715	PNOC	8	28250407	A	394	1.29	0.15	8.8E-02	A	292	1.24	0.18	2.3E-01	A	281	1.35	0.19	1.2E-01
rs2645721	PNOC	8	28242526	C	394	0.83	0.14	1.8E-01	C	292	0.77	0.17	1.3E-01	C	281	0.86	0.18	3.8E-01
rs2652461	KCNJ3	2	155396228	G	394	1.10	0.17	6.0E-01	G	292	1.08	0.22	7.4E-01	G	281	1.23	0.22	3.5E-01
rs2655280	SLC6A11	3	10920302	C	394	1.45	0.16	1.8E-02	C	292	1.27	0.19	2.2E-01	C	281	1.67	0.19	5.8E-03
rs2659058	KLK1	19	56017918	C	379	0.89	0.15	4.3E-01	C	280	0.80	0.19	2.4E-01	C	267	0.95	0.19	8.0E-01
rs2659528	PPP3CA	4	102376308	A	394	0.84	0.18	3.2E-01	A	292	1.02	0.21	9.3E-01	A	281	0.60	0.25	3.8E-02
rs267071	AIM	5	116976402	A	394	0.96	0.15	7.7E-01	A	292	1.11	0.18	5.6E-01	A	281	0.80	0.19	2.5E-01
rs2675494	EPHB2	1	23099753	G	385	1.15	0.15	3.4E-01	G	286	1.01	0.18	9.6E-01	G	274	1.41	0.19	7.5E-02
rs2675511	AGTR1	3	149928308	G	392	0.95	0.16	7.4E-01	G	290	0.79	0.21	2.5E-01	G	280	1.24	0.20	2.9E-01
rs2681491	ATP2B1	12	88544822	C	394	0.74	0.45	5.0E-01	C	292	1.06	0.49	9.1E-01	C	281	0.32	0.77	1.4E-01
rs2681696	GRK7	3	142983284	T	393	1.07	0.15	6.7E-01	T	292	1.02	0.19	9.3E-01	T	280	1.02	0.20	9.3E-01
rs2682826	NOS1	12	116137221	A	393	0.83	0.16	2.4E-01	A	291	0.98	0.19	9.0E-01	A	281	0.66	0.21	5.4E-02
rs26880	AIM	5	4958892	T	393	0.87	0.14	3.2E-01	T	291	0.87	0.17	4.3E-01	T	280	0.83	0.18	3.0E-01
rs2695219	PPP3CA	4	102302915	C	394	1.06	0.14	6.7E-01	C	292	1.15	0.17	4.3E-01	C	281	0.97	0.18	8.4E-01
rs2697159	SLC6A11	3	10949427	G	390	1.03	0.15	8.3E-01	G	290	1.06	0.18	7.4E-01	G	277	0.99	0.18	9.4E-01
rs27072	SLC6A3	5	1447522	T	394	1.31	0.19	1.4E-01	T	292	1.63	0.22	2.5E-02	T	281	1.05	0.24	8.3E-01
rs2709359	CREB1	2	208123382	A	394	0.91	0.43	8.3E-01	A	292	0.59	0.59	3.7E-01	A	281	1.19	0.49	7.2E-01
rs2717162	GALR1	18	73097315	C	394	1.13	0.17	4.6E-01	C	292	1.05	0.20	8.2E-01	C	281	1.22	0.20	3.4E-01
rs2722897	PNOC	8	28229116	A	394	0.97	0.23	9.1E-01	A	292	0.99	0.29	9.7E-01	A	281	0.96	0.30	8.8E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2725301	CCKAR	4	26093727	A	394	0.87	0.17	4.0E-01	A	292	0.89	0.21	5.6E-01	A	281	0.95	0.21	8.2E-01
rs2730891	AIM	12	37270952	T	393	1.06	0.32	8.6E-01	T	292	1.34	0.36	4.2E-01	T	280	0.76	0.44	5.2E-01
rs2732504	PPP3CA	4	102228850	C	392	0.87	0.15	3.6E-01	C	290	0.98	0.17	9.1E-01	C	279	0.78	0.18	1.7E-01
rs2732514	PPP3CA	4	102277865	T	394	1.09	0.19	6.4E-01	T	292	1.13	0.22	5.8E-01	T	281	1.03	0.24	8.9E-01
rs2737703	KCNJ9	1	158322556	T	381	0.94	0.16	6.8E-01	T	282	1.04	0.19	8.4E-01	T	272	0.75	0.20	1.6E-01
rs2740762	EGFR	7	55228836	A	394	1.13	0.19	5.1E-01	A	292	1.05	0.23	8.2E-01	A	281	1.17	0.23	4.9E-01
rs2744907	PTGER3	1	71292381	C	394	1.05	0.21	8.3E-01	C	292	1.17	0.25	5.4E-01	C	281	0.89	0.28	6.8E-01
rs2746071	RGS2	1	191044187	G	389	1.27	0.17	1.5E-01	G	289	1.45	0.20	5.8E-02	G	277	1.08	0.22	7.2E-01
rs2746073	RGS2	1	191045850	A	394	1.34	0.17	8.2E-02	A	292	1.49	0.20	4.5E-02	A	281	1.16	0.22	5.1E-01
rs2753268	KCNJ9	1	158324876	A	386	1.01	0.16	9.4E-01	A	288	1.13	0.19	5.3E-01	A	273	0.77	0.21	2.1E-01
rs2758152	SGK1	6	134530606	T	391	0.91	0.21	6.5E-01	T	289	1.11	0.25	6.6E-01	T	279	0.61	0.30	9.4E-02
rs2758331	SOD2	6	160025060	A	394	1.09	0.14	5.3E-01	A	292	1.00	0.17	9.9E-01	A	281	1.23	0.17	2.3E-01
rs2759281	AIM	1	203132988	C	391	1.19	0.23	4.5E-01	C	290	1.26	0.28	4.1E-01	C	278	1.18	0.28	5.4E-01
rs2770150	TLR4	9	119502960	G	394	1.13	0.16	4.4E-01	G	292	1.15	0.19	4.6E-01	G	281	1.06	0.20	7.9E-01
rs2770296	HTR2A	13	46338561	C	394	1.36	0.16	6.3E-02	C	292	1.23	0.20	2.9E-01	C	281	1.44	0.20	6.9E-02
rs2770378	OXT	20	3001514	A	392	1.01	0.15	9.4E-01	A	291	0.94	0.18	7.3E-01	A	279	1.10	0.19	6.1E-01
rs2770997	GNB2L1	5	180597671	C	393	1.36	0.40	4.4E-01	C	291	1.38	0.46	4.8E-01	C	280	1.19	0.49	7.3E-01
rs2779248	NOS2A	17	23151959	C	393	0.82	0.15	1.6E-01	C	291	0.79	0.18	1.9E-01	C	281	0.86	0.19	4.1E-01
rs2779251	NOS2A	17	23155453	A	394	0.76	0.19	1.4E-01	A	292	0.85	0.22	4.6E-01	A	281	0.68	0.25	1.2E-01
rs2779536	GABBR2	9	100411090	T	394	1.10	0.30	7.6E-01	T	292	1.40	0.35	3.3E-01	T	281	0.77	0.42	5.3E-01
rs2790093	RUNX2	6	45545462	G	393	0.94	0.14	6.8E-01	G	291	0.98	0.18	9.1E-01	G	280	0.91	0.18	6.1E-01
rs2795108	ANXA1	9	74955298	C	394	1.65	0.22	2.5E-02	C	292	1.57	0.26	8.2E-02	C	281	1.88	0.28	2.2E-02
rs2795114	ANXA1	9	74961134	C	394	1.69	0.19	6.0E-03	C	292	1.57	0.22	4.4E-02	C	281	2.00	0.24	3.2E-03
rs2797849	DBH	9	135491762	C	394	1.06	0.15	7.0E-01	C	292	1.12	0.19	5.5E-01	C	281	1.07	0.20	7.2E-01
rs2798298	GRK4	4	3006400	G	393	1.15	0.15	3.4E-01	G	291	1.08	0.18	6.5E-01	G	280	1.13	0.18	5.1E-01
rs279843	GABRA2	4	46019961	T	393	1.02	0.14	8.8E-01	T	291	1.09	0.18	6.2E-01	T	280	0.98	0.18	9.0E-01
rs279844	GABRA2	4	46024412	T	394	0.99	0.14	9.4E-01	T	292	1.00	0.18	9.9E-01	T	281	1.00	0.18	9.9E-01
rs2799629	INADL	1	62086074	G	394	1.04	0.19	8.5E-01	G	292	0.92	0.23	7.2E-01	G	281	1.22	0.22	3.8E-01
rs2808536	GABBR2	9	100380122	A	393	1.13	0.15	4.2E-01	A	291	0.97	0.19	8.9E-01	A	281	1.23	0.19	2.8E-01
rs2808707	NTRK2	9	86748114	T	394	0.80	0.15	1.2E-01	T	292	0.75	0.19	1.1E-01	T	281	0.81	0.18	2.4E-01
rs281508	PRKCE	2	46264711	A	394	0.89	0.16	4.7E-01	A	292	0.71	0.20	8.9E-02	A	281	1.10	0.20	6.4E-01
rs2815805	MAPK14	6	36176019	C	394	0.56	0.64	3.7E-01	C	292	0.77	0.70	7.1E-01	C	281	0.28	1.08	2.4E-01
rs2816825	PRKG1	10	52423922	G	394	0.58	0.21	1.1E-02	G	292	0.60	0.26	4.7E-02	G	281	0.54	0.28	2.8E-02
rs2817900	EPHB2	1	22984542	T	394	1.03	0.16	8.7E-01	T	292	1.10	0.20	6.3E-01	T	281	1.00	0.21	1.0E+00
rs2817907	EPHB2	1	22979061	A	394	0.81	0.23	3.6E-01	A	292	0.84	0.28	5.4E-01	A	281	0.83	0.30	5.3E-01
rs2829966	APP	21	26176065	C	393	0.97	0.15	8.3E-01	C	291	1.01	0.18	9.5E-01	C	280	0.99	0.19	9.5E-01
rs2830012	APP	21	26319478	A	394	0.97	0.16	8.7E-01	A	292	0.82	0.20	3.2E-01	A	281	1.19	0.20	3.8E-01
rs2830041	APP	21	26369533	C	393	0.94	0.16	7.2E-01	C	291	0.88	0.20	5.3E-01	C	281	0.95	0.20	8.0E-01
rs2830071	APP	21	26422204	T	393	0.86	0.22	4.9E-01	T	291	0.87	0.27	6.1E-01	T	280	0.98	0.28	9.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2830097	APP	21	26448234	C	392	0.84	0.15	2.5E-01	C	290	0.94	0.18	7.3E-01	C	280	0.70	0.20	7.0E-02
rs2832405	GRIK1	21	29885616	C	393	0.85	0.20	4.1E-01	C	291	0.75	0.25	2.3E-01	C	280	0.88	0.24	6.0E-01
rs2832414	GRIK1	21	29915992	G	394	1.10	0.22	6.6E-01	G	292	0.89	0.28	6.8E-01	G	281	1.36	0.27	2.5E-01
rs2832469	GRIK1	21	30173976	G	394	0.85	0.57	7.8E-01	G	292	0.77	0.70	7.1E-01	G	281	0.86	0.70	8.3E-01
rs2835195	RUNX1	21	36269129	T	392	1.10	0.15	5.0E-01	T	291	1.28	0.18	1.6E-01	T	279	0.89	0.19	5.7E-01
rs2835848	KCNJ6	21	37932943	T	394	1.01	0.15	9.4E-01	T	292	0.93	0.18	7.1E-01	T	281	1.18	0.19	3.7E-01
rs2835855	KCNJ6	21	37937624	A	394	1.01	0.15	9.4E-01	A	292	0.93	0.18	7.1E-01	A	281	1.18	0.19	3.7E-01
rs2835885	KCNJ6	21	37961436	G	394	0.82	0.15	1.8E-01	G	292	0.77	0.19	1.6E-01	G	281	0.86	0.19	4.3E-01
rs2835896	KCNJ6	21	37988510	T	394	0.98	0.15	8.8E-01	T	292	0.94	0.18	7.5E-01	T	281	1.03	0.20	8.7E-01
rs2835903	KCNJ6	21	37999107	C	392	0.81	0.15	1.6E-01	C	290	0.73	0.18	8.9E-02	C	280	0.92	0.19	6.5E-01
rs2835912	KCNJ6	21	38015912	T	394	0.75	0.38	4.5E-01	T	292	1.16	0.43	7.3E-01	T	281	0.41	0.65	1.7E-01
rs2835921	KCNJ6	21	38037025	C	394	1.15	0.53	7.9E-01	C	292	1.31	0.60	6.6E-01	C	281	0.86	0.70	8.3E-01
rs2835931	KCNJ6	21	38043518	T	394	1.18	0.16	3.0E-01	T	292	1.17	0.19	4.1E-01	T	281	1.22	0.21	3.3E-01
rs2835945	KCNJ6	21	38057170	A	394	1.14	0.14	3.6E-01	A	292	1.21	0.18	2.9E-01	A	281	1.04	0.18	8.2E-01
rs2835988	KCNJ6	21	38113768	A	394	1.06	0.15	7.1E-01	A	292	1.18	0.18	3.7E-01	A	281	0.96	0.19	8.1E-01
rs2836016	KCNJ6	21	38134890	G	394	1.00	0.15	1.0E+00	G	292	1.13	0.18	4.8E-01	G	281	0.89	0.20	5.8E-01
rs28360463	P2RX4	12	120131707	A	387	0.89	0.23	6.0E-01	A	287	0.60	0.31	9.9E-02	A	274	1.11	0.27	7.0E-01
rs28360521	CYP2D6	22	40858920	T	394	0.76	0.17	1.0E-01	T	292	0.57	0.22	8.2E-03	T	281	0.95	0.20	8.0E-01
rs2839361	S100B	21	46848617	C	394	1.26	0.20	2.6E-01	C	292	1.40	0.24	1.6E-01	C	281	1.09	0.27	7.5E-01
rs2839364	S100B	21	46850222	T	391	0.81	0.20	2.7E-01	T	289	0.66	0.25	1.1E-01	T	279	1.00	0.24	1.0E+00
rs2839668	GAD2	10	26543120	G	393	1.11	0.27	7.0E-01	G	291	1.33	0.31	3.6E-01	G	280	0.85	0.36	6.5E-01
rs2842063	AIM	6	71295098	T	394	1.04	0.18	8.5E-01	T	292	0.95	0.23	8.4E-01	T	281	1.13	0.23	6.0E-01
rs2846675	KCNJ5	11	128292246	C	394	0.85	0.18	3.7E-01	C	292	0.84	0.22	4.3E-01	C	281	0.78	0.23	2.9E-01
rs2846700	KCNJ5	11	128274148	C	390	0.76	0.19	1.6E-01	C	288	0.73	0.23	1.8E-01	C	279	0.78	0.24	3.1E-01
rs2850338	PPP3CA	4	102407895	C	394	0.95	0.16	7.5E-01	C	292	1.16	0.19	4.4E-01	C	281	0.73	0.21	1.4E-01
rs2850979	PPP3CA	4	102313787	C	394	1.08	0.17	6.7E-01	C	292	1.01	0.21	9.5E-01	C	281	1.05	0.21	8.4E-01
rs2850992	PPP3CA	4	102341778	C	394	0.94	0.15	7.0E-01	C	292	0.95	0.19	8.0E-01	C	281	0.89	0.19	5.4E-01
rs2853707	CX3CR1	3	39299287	G	394	1.05	0.17	8.0E-01	G	292	0.96	0.21	8.3E-01	G	281	1.08	0.22	7.2E-01
rs2854248	ATP1A2	1	158360551	A	383	0.81	0.13	1.1E-01	A	282	0.72	0.16	4.5E-02	A	271	0.93	0.16	6.6E-01
rs2854371	ATP2B1	12	88519597	A	394	0.87	0.16	4.1E-01	A	292	0.85	0.20	4.2E-01	A	281	0.83	0.21	3.8E-01
rs2856813	NGF	1	115639442	C	394	0.84	0.14	2.3E-01	C	292	0.94	0.17	7.1E-01	C	281	0.79	0.18	1.9E-01
rs2857656	CCL2	17	29606120	C	393	0.93	0.16	6.6E-01	C	292	0.82	0.20	3.2E-01	C	280	1.06	0.20	7.7E-01
rs2857844	GRK4	4	2999386	G	394	1.09	0.14	5.6E-01	G	292	1.10	0.17	6.0E-01	G	281	1.01	0.19	9.7E-01
rs2859141	MAPK13	6	36207738	A	394	0.97	0.15	8.3E-01	A	292	0.97	0.18	8.8E-01	A	281	0.95	0.19	7.7E-01
rs2862925	CPN1	10	101807547	T	394	0.82	0.14	1.6E-01	T	292	0.70	0.18	4.4E-02	T	281	0.90	0.18	5.4E-01
rs2866112	NALP12	19	59002773	G	394	1.20	0.23	4.3E-01	G	292	1.24	0.27	4.3E-01	G	281	1.16	0.29	6.0E-01
rs2869511	EPHB2	1	23013287	C	393	0.76	0.16	9.0E-02	C	292	0.80	0.19	2.6E-01	C	280	0.75	0.20	1.7E-01
rs2869513	EPHB2	1	22918530	G	394	0.93	0.16	6.3E-01	G	292	1.07	0.19	7.2E-01	G	281	0.77	0.21	2.2E-01
rs2873027	GABRB3	15	24418502	T	394	1.10	0.15	5.0E-01	T	292	1.00	0.18	9.9E-01	T	281	1.19	0.18	3.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs2878172	GCH1	14	54443420	G	394	0.90	0.14	4.4E-01	G	292	0.87	0.17	4.2E-01	G	281	0.92	0.18	6.4E-01
rs2880415	NPY2R	4	156355477	C	393	1.23	0.15	1.7E-01	C	291	1.18	0.17	3.5E-01	C	280	1.21	0.18	2.8E-01
rs2880691	GLRB	4	158213057	G	386	1.08	0.21	7.1E-01	G	285	1.39	0.24	1.8E-01	G	275	0.85	0.28	5.7E-01
rs2885816	KCNK2	1	213330584	G	394	0.91	0.14	5.2E-01	G	292	1.09	0.18	6.3E-01	G	281	0.80	0.18	2.2E-01
rs28903	ACCN1	17	28361093	C	394	0.89	0.19	5.6E-01	C	292	1.03	0.23	8.9E-01	C	281	0.75	0.25	2.5E-01
rs28932	ACCN1	17	28364860	C	394	0.59	0.40	1.8E-01	C	292	0.73	0.47	4.9E-01	C	281	0.45	0.57	1.6E-01
rs289816	AIM	15	61582014	G	394	0.67	0.20	4.8E-02	G	292	0.69	0.25	1.3E-01	G	281	0.71	0.26	1.8E-01
rs2898230	GRIA4	11	105308454	T	394	0.73	0.27	2.3E-01	T	292	0.70	0.33	2.8E-01	T	281	0.71	0.35	3.3E-01
rs2909443	DPP4	2	162554685	G	393	1.03	0.14	8.2E-01	G	291	1.16	0.17	4.0E-01	G	280	0.93	0.18	7.1E-01
rs2910266	GRIA1	5	152995055	A	394	0.83	0.16	2.5E-01	A	292	0.84	0.20	3.9E-01	A	281	0.86	0.21	4.6E-01
rs2910269	GRIA1	5	153018506	A	394	0.96	0.15	7.7E-01	A	292	0.99	0.17	9.6E-01	A	281	0.92	0.19	6.5E-01
rs2915890	GLRA1	5	151184851	T	394	0.91	0.14	4.8E-01	T	292	0.85	0.16	3.1E-01	T	281	0.93	0.18	7.0E-01
rs29225	GABBR1	6	29689020	G	394	0.94	0.25	8.0E-01	G	292	0.96	0.31	8.9E-01	G	281	1.01	0.31	9.7E-01
rs29230	GABBR1	6	29684372	G	394	1.02	0.19	9.2E-01	G	292	0.87	0.24	5.8E-01	G	281	1.19	0.23	4.5E-01
rs29243	GABBR1	6	29707081	A	378	1.19	0.61	7.7E-01	A	280	1.99	0.70	3.2E-01	A	268	0.67	1.16	7.3E-01
rs29253	GABBR1	6	29688415	G	394	0.94	0.25	8.0E-01	G	292	0.96	0.31	8.9E-01	G	281	1.01	0.31	9.7E-01
rs2927385	AIM	8	20744320	C	394	1.07	0.14	6.2E-01	C	292	1.07	0.17	7.0E-01	C	281	1.10	0.18	5.8E-01
rs2930125	AIM	10	127879147	C	394	0.88	0.18	4.7E-01	C	292	0.88	0.22	5.6E-01	C	281	0.77	0.24	2.8E-01
rs2934193	AIM	15	46047011	T	394	0.81	0.18	2.2E-01	T	292	0.80	0.22	3.1E-01	T	281	0.87	0.22	5.2E-01
rs2937067	AIM	5	116167937	A	394	1.04	0.15	7.7E-01	A	292	0.97	0.18	8.5E-01	A	281	1.16	0.19	4.3E-01
rs2940251	RGS4	1	161314142	C	393	1.17	0.15	3.0E-01	C	292	1.32	0.19	1.4E-01	C	280	1.03	0.19	8.7E-01
rs294218	EPHB2	1	22905844	C	394	0.93	0.15	6.0E-01	C	292	1.13	0.18	4.8E-01	C	281	0.72	0.19	9.0E-02
rs294231	EPHB2	1	22912279	G	394	0.90	0.16	5.2E-01	G	292	1.05	0.19	8.1E-01	G	281	0.75	0.21	1.7E-01
rs2947027	CCKBR	11	6245797	C	378	1.25	0.18	2.2E-01	C	279	1.41	0.21	1.1E-01	C	271	1.15	0.23	5.6E-01
rs2948905	AIM	15	42933056	G	393	1.17	0.24	5.3E-01	G	291	1.15	0.30	6.5E-01	G	281	1.21	0.30	5.2E-01
rs2952151	PNMT	17	35082022	T	391	0.75	0.16	7.3E-02	T	290	0.88	0.19	5.0E-01	T	278	0.65	0.21	4.1E-02
rs2956	CALCA	11	14945697	A	394	1.31	0.16	9.3E-02	A	292	1.23	0.19	2.9E-01	A	281	1.26	0.20	2.5E-01
rs2960306	GRK4	4	2960297	T	393	1.10	0.15	5.6E-01	T	292	1.04	0.19	8.4E-01	T	280	1.11	0.19	5.9E-01
rs2961956	KCNJ3	2	155329048	T	394	1.09	0.14	5.2E-01	T	292	1.09	0.17	6.1E-01	T	281	1.08	0.17	6.5E-01
rs2962406	GABRB2	5	160842679	T	394	0.90	0.17	5.1E-01	T	292	0.74	0.21	1.5E-01	T	281	1.07	0.20	7.3E-01
rs2963155	NR3C1	5	142736197	G	394	0.60	0.16	1.6E-03	G	292	0.52	0.21	1.9E-03	G	281	0.68	0.20	5.6E-02
rs2964608	GLRA1	5	151257082	A	393	1.02	0.15	8.7E-01	A	291	0.97	0.18	8.7E-01	A	280	1.12	0.19	5.4E-01
rs2973041	GDNF	5	37866083	C	389	1.12	0.19	5.5E-01	C	288	1.17	0.23	4.9E-01	C	277	1.05	0.24	8.5E-01
rs2976532	NRG1	8	32713793	A	394	1.23	0.14	1.4E-01	A	292	1.15	0.16	4.0E-01	A	281	1.23	0.17	2.2E-01
rs2984529	ZFAND5	9	74172264	T	394	0.89	0.14	4.1E-01	T	292	0.83	0.17	2.9E-01	T	281	0.96	0.17	8.2E-01
rs3006476	S100A12	1	151615734	A	391	0.96	0.21	8.5E-01	A	289	1.17	0.25	5.4E-01	A	280	0.73	0.29	2.8E-01
rs3006488	S100A12	1	151629131	G	393	0.98	0.21	9.4E-01	G	291	1.16	0.25	5.6E-01	G	281	0.78	0.29	3.8E-01
rs3020364	ESR1	6	152408811	G	390	0.83	0.15	2.2E-01	G	288	0.81	0.19	2.6E-01	G	279	0.77	0.19	1.8E-01
rs3020368	ESR1	6	152412883	T	394	0.71	0.25	1.7E-01	T	292	0.79	0.30	4.4E-01	T	281	0.61	0.34	1.5E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs3020377	ESR1	6	152314091	G	393	1.00	0.15	9.8E-01	G	291	0.87	0.19	4.8E-01	G	280	1.09	0.19	6.3E-01
rs3020382	ESR1	6	152453830	C	393	0.80	0.19	2.5E-01	C	291	0.86	0.23	4.9E-01	C	280	0.74	0.25	2.2E-01
rs3020407	ESR1	6	152348954	G	394	0.86	0.16	3.4E-01	G	292	0.72	0.20	9.6E-02	G	281	1.01	0.19	9.8E-01
rs3020422	ESR1	6	152390451	A	393	0.83	0.15	2.3E-01	A	291	0.83	0.19	3.1E-01	A	280	0.76	0.19	1.6E-01
rs3020450	ESR2	14	63838055	T	394	0.91	0.15	5.4E-01	T	292	1.10	0.19	6.2E-01	T	281	0.78	0.19	1.9E-01
rs3024496	IL10	1	205008487	G	394	0.75	0.15	5.7E-02	G	292	0.77	0.18	1.6E-01	G	281	0.71	0.18	6.4E-02
rs3024505	IL10	1	205006527	A	394	0.85	0.19	4.0E-01	A	292	1.02	0.22	9.4E-01	A	281	0.66	0.25	9.8E-02
rs3025010	VEGFA	6	43855555	C	390	0.90	0.15	5.0E-01	C	288	0.86	0.18	4.1E-01	C	279	1.01	0.19	9.5E-01
rs3025388	DBH	9	135493077	G	394	1.15	0.20	4.9E-01	G	292	0.97	0.24	9.1E-01	G	281	1.26	0.24	3.4E-01
rs3027322	GLRA2	23	14462994	C	394	1.01	0.15	9.4E-01	C	292	0.90	0.18	5.4E-01	C	281	1.28	0.19	1.9E-01
rs3027358	GLRA2	23	14514080	G	393	1.12	0.15	4.5E-01	G	291	0.97	0.18	8.6E-01	G	280	1.36	0.19	1.0E-01
rs3027379	GLRA2	23	14528139	C	394	0.69	0.50	4.6E-01	C	292	0.80	0.61	7.1E-01	C	281	0.66	0.68	5.5E-01
rs3027405	MAOA	23	43481273	T	394	1.18	0.33	6.2E-01	T	292	1.00	0.40	9.9E-01	T	281	1.25	0.39	5.7E-01
rs3027407	MAOA	23	43489785	A	394	0.97	0.15	8.2E-01	A	292	1.00	0.18	9.8E-01	A	281	0.88	0.19	5.0E-01
rs3027449	MAOB	23	43534161	T	394	1.29	0.20	2.0E-01	T	292	1.38	0.23	1.6E-01	T	281	1.10	0.24	7.1E-01
rs3027452	MAOB	23	43542733	A	394	1.29	0.20	2.0E-01	A	292	1.38	0.23	1.6E-01	A	281	1.10	0.24	7.1E-01
rs303459	LIPM	10	90507109	A	394	0.94	0.17	7.3E-01	A	292	1.06	0.21	7.7E-01	A	281	0.90	0.22	6.5E-01
rs303477	LIPM	10	90535813	A	393	1.16	0.18	4.1E-01	A	291	1.13	0.22	5.8E-01	A	281	1.35	0.22	1.7E-01
rs303524	LIPM	10	90564202	C	394	0.88	0.16	4.3E-01	C	292	0.79	0.20	2.3E-01	C	281	0.95	0.19	8.1E-01
rs303802	SCN8A	12	50455664	C	391	0.78	0.16	1.1E-01	C	289	0.77	0.19	1.8E-01	C	278	0.78	0.20	2.1E-01
rs303815	SCN8A	12	50470538	T	394	0.78	0.16	1.2E-01	T	292	0.77	0.19	1.8E-01	T	281	0.77	0.20	2.0E-01
rs306076	CAMK4	5	110684593	T	394	1.21	0.20	3.3E-01	T	292	1.04	0.24	8.7E-01	T	281	1.28	0.24	3.0E-01
rs306083	CAMK4	5	110672588	A	394	1.23	0.23	3.7E-01	A	292	1.02	0.28	9.4E-01	A	281	1.32	0.27	2.9E-01
rs306090	CAMK4	5	110775818	G	394	1.08	0.15	6.4E-01	G	292	1.07	0.19	7.2E-01	G	281	1.03	0.19	8.9E-01
rs306098	CAMK4	5	110767575	A	394	1.05	0.14	7.2E-01	A	292	1.27	0.17	1.6E-01	A	281	0.87	0.18	4.6E-01
rs306124	CAMK4	5	110743025	T	391	1.10	0.21	6.6E-01	T	289	0.98	0.26	9.5E-01	T	280	1.10	0.25	7.2E-01
rs308379	FGF2	4	124002346	A	394	0.99	0.15	9.4E-01	A	292	0.92	0.18	6.6E-01	A	281	1.09	0.18	6.5E-01
rs308388	FGF2	4	124006529	A	392	0.81	0.15	1.6E-01	A	290	0.84	0.18	3.4E-01	A	280	0.79	0.19	2.3E-01
rs308395	FGF2	4	123966392	G	393	0.94	0.20	7.4E-01	G	291	1.04	0.23	8.6E-01	G	280	0.76	0.26	2.9E-01
rs308442	FGF2	4	123994363	A	394	0.87	0.17	4.0E-01	A	292	0.75	0.21	1.6E-01	A	281	0.97	0.21	9.0E-01
rs3087221	IL6	7	22729942	T	393	0.83	0.61	7.6E-01	T	291	1.06	0.66	9.3E-01	T	280	0.49	1.00	4.7E-01
rs3088139	STAU2	8	74625643	T	393	0.91	0.29	7.5E-01	T	291	0.89	0.37	7.6E-01	T	280	0.92	0.37	8.2E-01
rs3091307	IL13	5	132017035	G	393	0.90	0.16	5.0E-01	G	291	0.81	0.20	2.9E-01	G	280	1.02	0.20	9.2E-01
rs3091406	DBI	2	119841854	A	387	0.73	0.18	7.2E-02	A	287	0.59	0.23	2.6E-02	A	276	0.85	0.22	4.5E-01
rs3093668	TNF	6	31654474	C	394	1.33	0.34	4.0E-01	C	292	0.95	0.43	9.1E-01	C	281	1.64	0.39	2.1E-01
rs3093726	TNF	6	31654768	C	394	1.33	0.34	4.0E-01	C	292	0.95	0.43	9.1E-01	C	281	1.64	0.39	2.1E-01
rs309499	EPHB2	1	23107533	A	389	1.20	0.14	2.0E-01	A	289	1.01	0.17	9.5E-01	A	277	1.51	0.18	2.3E-02
rs3096140	GDNF	5	37868590	G	393	0.97	0.15	8.4E-01	G	291	1.23	0.18	2.5E-01	G	280	0.73	0.20	1.3E-01
rs3097500	GABRG3	15	25441923	T	393	1.08	0.14	5.8E-01	T	291	1.13	0.17	4.5E-01	T	281	1.03	0.17	8.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs3100865	AIM	1	2795967	G	387	0.99	0.15	9.5E-01	G	286	1.11	0.17	5.4E-01	G	275	0.79	0.20	2.4E-01
rs3101640	GABRG3	15	25443454	C	394	1.05	0.14	7.3E-01	C	292	1.10	0.17	5.5E-01	C	281	1.00	0.18	1.0E+00
rs3102976	EZR	6	159110007	T	385	1.34	0.17	7.9E-02	T	284	1.55	0.20	3.1E-02	T	275	1.11	0.20	6.1E-01
rs3104703	GRIN2A	16	9972637	G	394	0.91	0.14	5.2E-01	G	292	0.99	0.17	9.4E-01	G	281	0.84	0.18	3.2E-01
rs3106653	KCNJ3	2	155283806	G	394	0.87	0.15	3.6E-01	G	292	0.84	0.19	3.6E-01	G	281	0.85	0.19	3.9E-01
rs3106660	KCNJ3	2	155261521	A	393	1.31	0.43	5.3E-01	A	291	1.21	0.54	7.2E-01	A	280	1.61	0.52	3.6E-01
rs3106661	KCNJ3	2	155260993	G	393	1.39	0.34	3.3E-01	G	291	1.45	0.39	3.4E-01	G	280	1.21	0.42	6.6E-01
rs3111017	KCNJ3	2	155289884	A	394	0.89	0.15	4.6E-01	A	292	0.84	0.18	3.4E-01	A	281	0.94	0.18	7.3E-01
rs3111033	KCNJ3	2	155264124	T	379	0.84	0.41	6.6E-01	T	282	0.87	0.49	7.8E-01	T	267	0.85	0.52	7.6E-01
rs3123116	EZR	6	159130114	C	393	0.81	0.22	3.4E-01	C	291	0.77	0.27	3.5E-01	C	281	0.83	0.28	5.0E-01
rs3123655	RET	10	42915200	G	394	1.08	0.15	6.1E-01	G	292	0.99	0.18	9.7E-01	G	281	1.19	0.19	3.6E-01
rs3125296	ATF3	1	210844909	A	394	1.33	0.15	6.7E-02	A	292	1.27	0.19	2.0E-01	A	281	1.54	0.19	2.7E-02
rs31309	CAMK4	5	110850399	C	394	1.12	0.34	7.3E-01	C	292	1.53	0.41	3.0E-01	C	281	1.24	0.45	6.3E-01
rs3134353	YWHAZ	8	102016629	A	394	0.60	0.16	1.1E-03	A	292	0.53	0.19	9.2E-04	A	281	0.65	0.20	3.1E-02
rs3134380	YWHAZ	8	102012495	A	393	1.44	0.14	1.1E-02	A	291	1.55	0.17	1.1E-02	A	281	1.43	0.18	4.9E-02
rs3136540	GAL	11	68212986	T	393	0.97	0.16	8.4E-01	T	291	0.86	0.21	4.6E-01	T	280	1.19	0.20	3.9E-01
rs3136541	GAL	11	68214519	C	394	0.98	0.15	8.8E-01	C	292	0.86	0.19	4.2E-01	C	281	1.20	0.19	3.4E-01
rs3136546	GAL	11	68218123	A	391	0.79	0.23	3.1E-01	A	290	0.74	0.29	2.9E-01	A	279	0.76	0.29	3.4E-01
rs3136672	CCR1	3	46217789	C	394	0.82	0.24	4.1E-01	C	292	1.21	0.28	5.0E-01	C	281	0.61	0.36	1.7E-01
rs314313	EPHB4	7	100261301	C	391	0.72	0.16	3.3E-02	C	289	0.64	0.20	2.5E-02	C	279	0.76	0.19	1.6E-01
rs314346	EPHB4	7	100236453	C	381	1.36	0.15	3.7E-02	C	283	1.41	0.18	5.0E-02	C	271	1.29	0.18	1.5E-01
rs315280	AIM	7	142552081	G	392	1.01	0.16	9.3E-01	G	291	1.15	0.20	4.9E-01	G	279	0.88	0.22	5.5E-01
rs315946	IL1RN	2	113610335	A	394	0.89	0.22	5.8E-01	A	292	1.18	0.25	5.1E-01	A	281	0.58	0.32	8.2E-02
rs315951	IL1RN	2	113607057	G	394	1.00	0.17	1.0E+00	G	292	1.06	0.20	7.6E-01	G	281	0.94	0.21	7.8E-01
rs315952	IL1RN	2	113606775	C	394	0.99	0.17	9.3E-01	C	292	1.06	0.20	7.7E-01	C	281	0.92	0.21	6.8E-01
rs316630	PRKACB	1	84484359	T	393	1.34	0.15	5.3E-02	T	291	1.73	0.18	2.4E-03	T	281	0.91	0.20	6.5E-01
rs3176921	CRH	8	67253933	G	392	0.93	0.24	7.6E-01	G	291	0.75	0.32	3.7E-01	G	280	1.28	0.29	3.9E-01
rs3181052	IL1RN	2	113602520	A	394	1.07	0.22	7.5E-01	A	292	0.92	0.27	7.5E-01	A	281	1.29	0.25	3.2E-01
rs3181080	CCR1	3	46224933	T	394	0.78	0.25	3.2E-01	T	292	1.13	0.30	6.7E-01	T	281	0.57	0.37	1.4E-01
rs3182239	EPHB1	3	136460926	G	394	0.79	0.22	2.8E-01	G	292	0.68	0.28	1.7E-01	G	281	0.90	0.27	6.9E-01
rs319773	ACCN1	17	28518230	A	392	1.26	0.16	1.4E-01	A	291	1.09	0.19	6.6E-01	A	280	1.56	0.19	2.0E-02
rs3212346	MC1R	16	88509859	A	394	0.76	0.24	2.4E-01	A	292	0.61	0.31	1.0E-01	A	281	0.86	0.29	6.0E-01
rs3212363	MC1R	16	88512942	T	381	0.75	0.17	8.6E-02	T	283	0.72	0.21	1.2E-01	T	270	0.79	0.21	2.6E-01
rs3213904	SCN3A	2	165678858	A	394	0.99	0.16	9.4E-01	A	292	1.12	0.19	5.7E-01	A	281	0.83	0.21	3.5E-01
rs3219151	GABRA6	5	161061492	C	394	0.81	0.14	1.5E-01	C	292	0.80	0.17	2.0E-01	C	281	0.84	0.19	3.5E-01
rs3219203	GABRG2	5	161427430	T	393	1.41	0.28	2.2E-01	T	291	1.29	0.33	4.4E-01	T	281	1.43	0.33	2.9E-01
rs322964	TRPV3	17	3405219	C	386	0.95	0.15	7.3E-01	C	285	0.87	0.19	4.5E-01	C	275	1.10	0.19	6.1E-01
rs324026	DRD3	3	115373732	C	394	1.00	0.14	1.0E+00	C	292	1.13	0.17	4.8E-01	C	281	0.93	0.18	6.8E-01
rs324029	DRD3	3	115364313	A	394	0.92	0.15	5.9E-01	A	292	1.06	0.19	7.8E-01	A	281	0.82	0.20	3.2E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs324148	SLC29A1	6	44304556	T	393	1.09	0.16	5.9E-01	T	291	1.06	0.20	7.8E-01	T	280	1.12	0.20	5.7E-01
rs324419	FAAH	1	46644573	T	392	1.06	0.19	7.8E-01	T	290	1.03	0.23	9.0E-01	T	280	1.08	0.23	7.4E-01
rs324420	FAAH	1	46643348	A	389	1.25	0.19	2.3E-01	A	290	1.28	0.23	2.8E-01	A	277	1.18	0.23	4.7E-01
rs324586	CHRM2	7	136301966	C	392	1.61	0.26	6.6E-02	C	291	1.38	0.31	2.9E-01	C	279	1.80	0.30	4.9E-02
rs324637	CHRM2	7	136337369	T	391	0.80	0.15	1.5E-01	T	289	0.76	0.18	1.3E-01	T	279	0.87	0.20	4.8E-01
rs324651	CHRM2	7	136349801	T	393	0.65	0.21	4.4E-02	T	292	0.73	0.25	2.2E-01	T	280	0.55	0.29	3.8E-02
rs3264	MPDZ	9	13096598	C	394	0.83	0.15	1.9E-01	C	292	0.73	0.18	8.0E-02	C	281	0.96	0.18	8.4E-01
rs326626	AIM	5	133639706	G	394	1.04	0.27	8.9E-01	G	292	0.90	0.33	7.4E-01	G	281	1.16	0.32	6.4E-01
rs32897	CRHBP	5	76286728	C	393	0.80	0.19	2.6E-01	C	291	0.78	0.24	2.9E-01	C	281	0.87	0.24	5.6E-01
rs333113	AIM	17	4347105	C	387	1.02	0.19	9.3E-01	C	287	0.88	0.24	5.9E-01	C	274	1.17	0.23	5.1E-01
rs33383	NR3C1	5	142690179	T	394	0.93	0.14	6.3E-01	T	292	0.95	0.17	7.8E-01	T	281	0.90	0.18	5.5E-01
rs33389	NR3C1	5	142680692	T	394	0.56	0.20	3.6E-03	T	292	0.42	0.28	2.1E-03	T	281	0.70	0.25	1.6E-01
rs3392	KCNJ6	21	37952841	C	394	0.81	0.15	1.6E-01	C	292	0.78	0.18	1.6E-01	C	281	0.86	0.18	4.2E-01
rs34363326	HSPCA	14	101677203	G	394	0.64	0.32	1.6E-01	G	292	0.72	0.38	3.9E-01	G	281	0.49	0.45	1.2E-01
rs34427887	OPRM1	6	154609555	T	394	0.97	0.26	9.0E-01	T	292	1.21	0.30	5.2E-01	T	281	0.65	0.38	2.6E-01
rs34436714	NALP12	19	59019125	A	394	1.25	0.17	2.0E-01	A	292	1.12	0.21	5.9E-01	A	281	1.33	0.21	1.8E-01
rs344816	AIM	19	50517466	T	394	0.97	0.15	8.2E-01	T	292	0.79	0.19	2.0E-01	T	281	1.16	0.19	4.2E-01
rs34668411	HSPCA	14	101677392	C	393	0.63	0.32	1.6E-01	C	291	0.72	0.38	3.8E-01	C	280	0.49	0.46	1.1E-01
rs348277	STAU1	20	47218636	T	394	1.24	0.16	1.9E-01	T	292	1.14	0.20	5.0E-01	T	281	1.28	0.20	2.2E-01
rs348298	STAU1	20	47182117	A	392	0.56	0.32	6.9E-02	A	290	0.60	0.38	1.8E-01	A	280	0.46	0.43	7.5E-02
rs34971363	NALP12	19	59005519	C	394	0.83	0.27	5.0E-01	C	292	0.76	0.34	4.2E-01	C	281	0.81	0.34	5.4E-01
rs35074133	HSP90AB1	6	44322847	A	394	1.00	0.32	1.0E+00	A	292	1.29	0.38	5.1E-01	A	281	0.95	0.43	9.1E-01
rs35767	IGF1	12	101399699	A	394	1.06	0.19	7.7E-01	A	292	1.05	0.23	8.5E-01	A	281	1.07	0.24	7.7E-01
rs36017	SLC6A2	16	54276319	C	393	0.96	0.14	7.7E-01	C	291	0.99	0.17	9.6E-01	C	281	0.91	0.18	6.2E-01
rs36021	SLC6A2	16	54269451	T	394	1.17	0.15	2.9E-01	T	292	1.16	0.18	4.0E-01	T	281	1.19	0.19	3.8E-01
rs36023	SLC6A2	16	54264755	A	394	1.01	0.14	9.4E-01	A	292	0.91	0.18	6.0E-01	A	281	1.11	0.18	5.6E-01
rs36024	SLC6A2	16	54263892	A	394	1.00	0.14	1.0E+00	A	292	0.99	0.17	9.6E-01	A	281	1.02	0.18	9.2E-01
rs36110	EPHB1	3	136182877	C	393	1.19	0.15	2.5E-01	C	291	1.22	0.18	2.7E-01	C	280	1.11	0.19	5.8E-01
rs361525	TNF	6	31651080	A	394	1.45	0.33	2.6E-01	A	292	1.31	0.40	5.0E-01	A	281	1.64	0.39	2.1E-01
rs362895	GRM1	6	146721019	A	394	0.85	0.19	3.9E-01	A	292	0.88	0.24	5.8E-01	A	281	0.98	0.24	9.2E-01
rs362936	GRM1	6	146762519	A	393	0.80	0.68	7.4E-01	A	292	0.72	0.85	6.9E-01	A	280	0.81	0.85	8.1E-01
rs363230	SLC18A2	10	119019505	C	393	1.25	0.14	1.2E-01	C	291	1.02	0.17	9.2E-01	C	281	1.60	0.18	9.8E-03
rs363279	SLC18A2	10	119026615	C	394	1.04	0.27	8.9E-01	C	292	0.79	0.35	5.1E-01	C	281	1.30	0.32	4.2E-01
rs363330	SLC18A2	10	118984828	G	394	1.29	0.25	3.2E-01	G	292	1.29	0.30	4.0E-01	G	281	1.38	0.32	3.1E-01
rs363332	SLC18A2	10	118992657	A	393	1.07	0.16	6.6E-01	A	291	1.17	0.19	4.2E-01	A	281	0.91	0.21	6.3E-01
rs363338	SLC18A2	10	118999379	C	394	1.22	0.15	2.0E-01	C	292	1.32	0.18	1.2E-01	C	281	1.06	0.20	7.8E-01
rs363504	GRIK1	21	29847799	G	394	0.76	0.37	4.6E-01	G	292	0.64	0.47	3.5E-01	G	281	0.83	0.45	6.8E-01
rs363512	GRIK1	21	29972688	A	393	1.41	0.28	2.2E-01	A	291	1.08	0.36	8.4E-01	A	280	1.80	0.33	7.2E-02
rs363522	GRIK1	21	29945097	A	394	1.00	0.21	1.0E+00	A	292	0.70	0.28	2.0E-01	A	281	1.33	0.24	2.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs363526	GRIK1	21	29936360	C	393	0.90	0.14	4.6E-01	C	291	0.80	0.18	2.2E-01	C	281	0.98	0.18	9.3E-01
rs363602	GRIK1	21	29990273	T	394	1.59	0.40	2.5E-01	T	292	0.71	0.60	5.7E-01	T	281	2.43	0.43	4.1E-02
rs368365	ACCN1	17	28568445	G	394	1.62	0.17	5.7E-03	G	292	1.63	0.20	1.8E-02	G	281	1.59	0.22	3.4E-02
rs37067	CACNA2D1	7	81438133	A	394	0.90	0.16	4.8E-01	A	292	1.03	0.19	8.9E-01	A	281	0.80	0.20	2.5E-01
rs37089	CACNA2D1	7	81448660	A	394	1.25	0.16	1.6E-01	A	292	1.18	0.19	3.8E-01	A	281	1.33	0.19	1.5E-01
rs3729910	MAPK1	22	20492126	G	394	1.10	0.31	7.6E-01	G	292	0.99	0.38	9.9E-01	G	281	1.23	0.38	5.9E-01
rs3730013	NOS2A	17	23150045	A	394	1.01	0.16	9.4E-01	A	292	0.93	0.19	7.2E-01	A	281	1.14	0.19	5.0E-01
rs3730017	NOS2A	17	23133229	A	393	0.91	0.43	8.2E-01	A	291	0.64	0.60	4.5E-01	A	280	1.30	0.50	6.0E-01
rs3732378	CX3CR1	3	39282166	A	394	0.89	0.20	5.6E-01	A	292	1.02	0.23	9.2E-01	A	281	0.72	0.26	2.1E-01
rs3732379	CX3CR1	3	39282260	T	394	0.95	0.17	7.4E-01	T	292	0.94	0.20	7.5E-01	T	281	0.90	0.21	6.3E-01
rs3732566	EPHB1	3	136381432	T	394	0.98	0.15	8.8E-01	T	292	0.91	0.19	6.2E-01	T	281	1.02	0.19	9.2E-01
rs3732757	P2RY13	3	152529294	T	394	1.26	0.34	5.0E-01	T	292	1.46	0.39	3.4E-01	T	281	1.09	0.46	8.6E-01
rs3732790	DRD3	3	115329973	A	394	1.10	0.14	5.2E-01	A	292	1.29	0.18	1.4E-01	A	281	0.89	0.18	5.3E-01
rs3733469	GABRB1	4	47123447	G	394	1.00	0.34	1.0E+00	G	292	0.96	0.41	9.1E-01	G	281	1.07	0.42	8.7E-01
rs3733847	CSNK1A1	5	148865565	T	394	1.06	0.17	7.3E-01	T	292	0.82	0.22	3.5E-01	T	281	1.30	0.21	2.1E-01
rs3735517	CACNA2D1	7	81431390	A	394	0.88	0.17	4.4E-01	A	292	1.16	0.20	4.7E-01	A	281	0.60	0.25	3.9E-02
rs3736556	AGTR2	23	115216363	T	391	1.05	0.17	7.7E-01	T	290	1.07	0.20	7.4E-01	T	279	1.03	0.21	9.0E-01
rs3738447	NLRP3	1	245655583	A	393	1.09	0.31	7.7E-01	A	291	1.65	0.35	1.5E-01	A	280	0.64	0.46	3.3E-01
rs3739570	NTRK2	9	86827398	A	394	0.84	0.24	4.8E-01	A	292	1.07	0.27	8.0E-01	A	281	0.63	0.34	1.8E-01
rs3739723	PPP3R2	9	103394171	A	394	1.04	0.20	8.4E-01	A	292	0.83	0.26	4.6E-01	A	281	1.28	0.24	3.0E-01
rs3739724	PPP3R2	9	103396260	C	394	1.25	0.21	2.9E-01	C	292	0.87	0.28	6.1E-01	C	281	1.67	0.25	4.3E-02
rs3739959	ANXA1	9	74973757	A	394	0.94	0.14	6.7E-01	A	292	1.01	0.17	9.7E-01	A	281	0.81	0.18	2.5E-01
rs3740563	GRK5	10	121085390	A	394	0.86	0.23	5.0E-01	A	292	0.83	0.27	4.9E-01	A	281	0.84	0.28	5.5E-01
rs3741475	NOS1	12	116154297	A	393	0.93	0.18	6.9E-01	A	291	1.27	0.20	2.4E-01	A	280	0.54	0.27	2.0E-02
rs3741705	SCN8A	12	50488291	C	381	1.04	0.25	8.8E-01	C	282	0.90	0.31	7.4E-01	C	272	1.15	0.31	6.5E-01
rs3742065	ATF1	12	49475886	C	391	1.52	0.33	2.1E-01	C	289	1.56	0.45	3.2E-01	C	279	2.20	0.41	5.3E-02
rs3743268	ANXA2	15	58465452	A	394	1.00	0.15	1.0E+00	A	292	0.90	0.19	5.6E-01	A	281	1.07	0.19	7.3E-01
rs3746780	NTSR1	20	60811731	G	376	0.88	0.19	4.9E-01	G	279	0.89	0.23	5.9E-01	G	270	0.88	0.23	5.7E-01
rs3748328	DDX24	14	93598835	T	394	0.98	0.15	8.8E-01	T	292	1.05	0.18	7.8E-01	T	281	0.96	0.19	8.1E-01
rs3748960	ERBB4	2	211956079	C	394	0.61	0.36	1.7E-01	C	292	0.46	0.48	1.1E-01	C	281	0.71	0.43	4.3E-01
rs3748962	ERBB4	2	211960109	C	394	0.97	0.15	8.3E-01	C	292	1.04	0.18	8.3E-01	C	281	0.88	0.18	4.9E-01
rs3749692	GDNF	5	37849905	A	394	1.13	0.15	4.2E-01	A	292	1.35	0.18	1.0E-01	A	281	0.97	0.19	8.9E-01
rs3750717	CPN1	10	101814944	A	394	0.66	0.65	5.2E-01	A	292	0.90	0.72	8.8E-01	A	281	0.33	1.09	3.1E-01
rs3751142	P2RX7	12	120106802	T	383	1.01	0.32	9.9E-01	T	281	0.31	0.56	3.7E-02	T	276	1.76	0.35	1.0E-01
rs3751143	P2RX7	12	120106687	C	394	1.35	0.18	9.3E-02	C	292	1.09	0.22	6.9E-01	C	281	1.56	0.22	4.2E-02
rs3753472	ADORA1	1	201398156	C	392	1.10	0.15	5.5E-01	C	290	1.23	0.18	2.7E-01	C	280	1.02	0.19	9.2E-01
rs3754565	PRKCE	2	46237853	A	394	0.86	0.20	4.3E-01	A	292	0.72	0.25	1.9E-01	A	281	1.09	0.24	7.1E-01
rs3755459	TACR1	2	75175111	A	394	0.68	0.15	1.3E-02	A	292	0.75	0.18	1.1E-01	A	281	0.63	0.20	2.0E-02
rs3756450	SLC6A3	5	1501148	G	394	1.22	0.24	4.0E-01	G	292	1.23	0.29	4.8E-01	G	281	1.25	0.30	4.6E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs3756577	CAMK2A	5	149608837	T	394	1.45	0.20	6.2E-02	T	292	1.29	0.24	2.9E-01	T	281	1.57	0.25	6.9E-02
rs3756612	CAMK4	5	110731386	G	393	1.52	0.19	2.5E-02	G	291	2.15	0.23	8.3E-04	G	281	1.08	0.24	7.6E-01
rs3757173	TNFAIP3	6	138231847	G	394	0.65	0.27	1.1E-01	G	292	0.75	0.33	3.7E-01	G	281	0.60	0.37	1.6E-01
rs3757631	CACNA2D1	7	81750084	A	394	0.85	0.16	3.0E-01	A	292	0.85	0.19	4.0E-01	A	281	0.87	0.20	5.1E-01
rs3758790	GRIA4	11	105355300	G	394	0.90	0.15	5.0E-01	G	292	0.93	0.18	6.8E-01	G	281	0.88	0.19	5.0E-01
rs3758796	GRIA4	11	105300118	C	394	2.08	0.47	1.2E-01	C	292	2.53	0.55	9.5E-02	C	281	2.09	0.59	2.1E-01
rs3758802	GRIA4	11	104985510	G	394	0.72	0.41	4.2E-01	G	292	1.09	0.44	8.4E-01	G	281	0.25	0.76	7.2E-02
rs3758987	HTR3B	11	113280485	C	393	1.02	0.16	9.0E-01	C	291	1.02	0.20	9.3E-01	C	281	1.00	0.21	1.0E+00
rs3759911	ANXA2	15	58461964	T	393	0.91	0.17	5.9E-01	T	291	0.87	0.20	4.9E-01	T	280	0.94	0.21	7.6E-01
rs3760013	ADCY7	16	48877218	A	394	1.18	0.16	3.0E-01	A	292	1.13	0.19	5.2E-01	A	281	1.19	0.20	3.9E-01
rs3760572	VPS4B	18	59241810	T	394	0.88	0.14	3.7E-01	T	292	1.00	0.17	9.8E-01	T	281	0.80	0.17	1.9E-01
rs3760703	PTGER1	19	14448982	T	394	1.09	0.14	5.3E-01	T	292	0.90	0.17	5.4E-01	T	281	1.35	0.18	9.3E-02
rs3761554	GRIA3	23	122144925	C	394	0.80	0.28	4.1E-01	C	292	0.64	0.37	2.2E-01	C	281	1.01	0.34	9.7E-01
rs3761555	GRIA3	23	122144118	C	389	0.81	0.17	2.1E-01	C	288	1.01	0.20	9.6E-01	C	278	0.65	0.25	7.7E-02
rs3761685	ATP1A2	1	158351267	C	392	0.62	0.22	3.1E-02	C	290	0.53	0.29	3.0E-02	C	281	0.74	0.27	2.6E-01
rs3761977	MAPK13	6	36204425	A	394	1.24	0.14	1.4E-01	A	292	1.02	0.17	9.3E-01	A	281	1.52	0.18	2.0E-02
rs3761980	MAPK14	6	36101884	G	393	0.88	0.24	6.1E-01	G	291	0.76	0.34	4.1E-01	G	280	1.21	0.30	5.3E-01
rs3762321	INADL	1	62026071	A	394	0.82	0.26	4.4E-01	A	292	0.78	0.32	4.4E-01	A	281	0.77	0.32	4.3E-01
rs3762611	GABRA4	4	46692045	A	394	0.77	0.28	3.4E-01	A	292	0.94	0.31	8.4E-01	A	281	0.57	0.40	1.5E-01
rs3764030	GRIN2B	12	14024599	T	390	0.77	0.20	1.8E-01	T	289	0.82	0.24	4.0E-01	T	278	0.70	0.25	1.5E-01
rs3765550	MPDZ	9	13098794	C	393	1.06	0.14	6.7E-01	C	291	1.07	0.17	7.2E-01	C	280	1.07	0.18	7.3E-01
rs3766246	FAAH	1	46638258	A	394	1.15	0.15	3.4E-01	A	292	1.14	0.18	4.8E-01	A	281	1.14	0.18	4.8E-01
rs3766557	ADORA1	1	201388699	C	381	1.04	0.17	8.3E-01	C	285	1.21	0.20	3.4E-01	C	269	0.88	0.22	5.7E-01
rs3766560	ADORA1	1	201385017	T	391	1.34	0.18	1.1E-01	T	290	1.08	0.23	7.4E-01	T	278	1.57	0.22	4.0E-02
rs3766563	ADORA1	1	201378318	T	394	1.61	0.49	3.4E-01	T	292	1.87	0.55	2.6E-01	T	281	1.16	0.64	8.1E-01
rs3766566	ADORA1	1	201371978	A	394	0.80	0.17	2.0E-01	A	292	0.75	0.22	1.8E-01	A	281	0.87	0.22	5.1E-01
rs3768758	PRKCE	2	46173506	C	394	1.13	0.24	6.3E-01	C	292	1.40	0.28	2.2E-01	C	281	0.84	0.34	6.1E-01
rs376880	CAMK4	5	110718462	G	394	1.25	0.21	3.0E-01	G	292	1.07	0.26	8.1E-01	G	281	1.31	0.25	2.8E-01
rs3769616	XDH	2	31483886	T	393	0.79	0.34	4.9E-01	T	291	1.04	0.39	9.1E-01	T	280	0.53	0.51	2.1E-01
rs3769931	SCN2A	2	165864479	G	393	0.98	0.17	9.0E-01	G	291	0.84	0.22	4.3E-01	G	280	1.11	0.21	6.0E-01
rs3770761	PRKD3	2	37360443	G	394	1.04	0.27	8.9E-01	G	292	0.96	0.34	9.0E-01	G	281	1.01	0.34	9.7E-01
rs3770764	PRKD3	2	37343381	A	394	1.01	0.15	9.4E-01	A	292	1.26	0.19	2.1E-01	A	281	0.81	0.20	2.8E-01
rs3771083	CALCRL	2	187956839	G	394	1.00	0.22	1.0E+00	G	292	0.92	0.27	7.5E-01	G	281	1.10	0.28	7.4E-01
rs3771095	CALCRL	2	187919357	T	394	1.03	0.22	9.1E-01	T	292	0.92	0.27	7.5E-01	T	281	1.16	0.28	6.0E-01
rs3771827	TACR1	2	75215372	T	394	0.81	0.14	1.4E-01	T	292	0.70	0.17	3.4E-02	T	281	0.95	0.18	7.6E-01
rs3771859	TACR1	2	75269078	G	394	1.08	0.16	6.3E-01	G	292	1.02	0.20	9.1E-01	G	281	1.10	0.20	6.4E-01
rs3772031	KCNIP3	2	95378618	G	393	1.09	0.16	6.0E-01	G	291	1.00	0.20	1.0E+00	G	281	1.23	0.20	2.9E-01
rs3772608	AGTR1	3	149937364	A	394	0.84	0.30	5.5E-01	A	292	0.63	0.41	2.6E-01	A	281	1.06	0.36	8.8E-01
rs3772616	AGTR1	3	149920881	T	394	1.15	0.19	4.6E-01	T	292	0.85	0.24	4.9E-01	T	281	1.55	0.23	5.6E-02

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs3773678	DRD3	3	115352768	A	393	1.02	0.22	9.3E-01	A	291	0.95	0.27	8.6E-01	A	280	1.20	0.27	5.0E-01
rs3773732	PRKCD	3	53175916	A	392	1.28	0.17	1.5E-01	A	290	1.45	0.21	7.4E-02	A	281	1.13	0.22	5.7E-01
rs3773876	MME	3	156364981	T	394	1.09	0.16	5.8E-01	T	292	1.19	0.19	3.6E-01	T	281	0.96	0.20	8.4E-01
rs3773885	MME	3	156342275	A	394	1.01	0.15	9.4E-01	A	292	0.93	0.18	6.9E-01	A	281	1.09	0.18	6.5E-01
rs3774116	SLC6A11	3	10876101	G	394	0.79	0.40	5.5E-01	G	292	0.91	0.46	8.3E-01	G	281	0.59	0.56	3.4E-01
rs3774125	SLC6A11	3	10856159	G	394	0.50	0.39	7.0E-02	G	292	0.61	0.46	2.7E-01	G	281	0.38	0.56	8.4E-02
rs3776573	SLC1A3	5	36681951	G	394	1.11	0.17	5.5E-01	G	292	0.96	0.21	8.6E-01	G	281	1.19	0.21	4.0E-01
rs3776825	CAMK2A	5	149600864	A	390	1.18	0.16	3.0E-01	A	289	1.13	0.20	5.5E-01	A	278	1.27	0.20	2.4E-01
rs3779449	CACNA2D1	7	81878689	T	394	1.12	0.20	5.5E-01	T	292	1.12	0.24	6.4E-01	T	281	1.15	0.25	5.8E-01
rs3780445	GABBR2	9	100111427	C	393	1.23	0.20	3.0E-01	C	291	1.16	0.24	5.4E-01	C	280	1.39	0.24	1.8E-01
rs3780446	GABBR2	9	100111383	T	394	1.16	0.16	3.5E-01	T	292	1.11	0.19	5.9E-01	T	281	1.27	0.19	2.1E-01
rs3780632	NTRK2	9	86542608	C	394	1.13	0.15	4.2E-01	C	292	1.25	0.18	2.1E-01	C	281	1.08	0.19	6.9E-01
rs3781109	GAD2	10	26608368	G	394	0.98	0.16	8.8E-01	G	292	1.11	0.19	5.9E-01	G	281	0.83	0.20	3.3E-01
rs3781116	GAD2	10	26556523	T	394	1.07	0.26	7.9E-01	T	292	1.32	0.31	3.7E-01	T	281	0.79	0.36	5.1E-01
rs3781495	GRK5	10	121146129	C	386	0.57	0.64	3.7E-01	C	287	0.30	1.09	2.7E-01	C	277	1.02	0.72	9.8E-01
rs3781894	P2RX3	11	56894237	A	393	0.94	0.14	6.8E-01	A	291	1.14	0.17	4.6E-01	A	280	0.77	0.18	1.5E-01
rs3781902	P2RX3	11	56876623	A	394	0.88	0.14	3.6E-01	A	292	0.67	0.18	2.8E-02	A	281	1.08	0.18	6.8E-01
rs3782025	HTR3B	11	113312817	G	394	1.10	0.15	5.1E-01	G	292	1.00	0.18	9.8E-01	G	281	1.27	0.19	2.0E-01
rs3782202	NOS1	12	116204763	G	393	0.83	0.18	3.0E-01	G	291	0.91	0.22	6.6E-01	G	280	0.76	0.23	2.4E-01
rs3782221	NOS1	12	116280264	A	394	0.96	0.17	8.0E-01	A	292	1.03	0.20	8.7E-01	A	281	0.97	0.21	8.8E-01
rs3782478	SCN8A	12	50354263	G	393	0.98	0.14	8.8E-01	G	291	0.99	0.17	9.6E-01	G	281	1.02	0.18	9.2E-01
rs3783298	PRKD1	14	29136680	G	394	0.94	0.15	7.0E-01	G	292	1.00	0.19	9.8E-01	G	281	0.86	0.20	4.5E-01
rs3783299	PRKD1	14	29136727	T	394	0.93	0.15	6.5E-01	T	292	0.97	0.19	8.8E-01	T	281	0.86	0.20	4.5E-01
rs3783305	PRKD1	14	29238337	T	394	0.98	0.14	8.8E-01	T	292	1.04	0.18	8.4E-01	T	281	0.88	0.19	4.9E-01
rs3783641	GCH1	14	54429889	A	394	0.86	0.17	3.9E-01	A	292	0.83	0.22	4.0E-01	A	281	0.87	0.21	5.2E-01
rs3783736	ESR2	14	63821125	T	394	1.03	0.14	8.3E-01	T	292	1.23	0.17	2.3E-01	T	281	0.87	0.18	4.4E-01
rs3785143	SLC6A2	16	54252607	T	394	1.40	0.25	1.8E-01	T	292	1.74	0.29	5.8E-02	T	281	1.13	0.32	7.2E-01
rs3785152	SLC6A2	16	54274051	T	394	1.03	0.24	9.0E-01	T	292	0.87	0.32	6.7E-01	T	281	1.10	0.29	7.5E-01
rs3786467	AIM	18	53289804	A	394	1.32	0.43	5.3E-01	A	292	1.74	0.49	2.5E-01	A	281	0.78	0.64	7.0E-01
rs3787138	CHRNA4	20	61449668	G	394	1.26	0.23	3.1E-01	G	292	1.19	0.27	5.1E-01	G	281	1.26	0.28	4.2E-01
rs3787535	NTSR1	20	60823966	A	394	0.97	0.15	8.2E-01	A	292	1.10	0.17	6.0E-01	A	281	0.88	0.19	5.0E-01
rs3787639	APP	21	26303053	A	392	0.97	0.19	8.5E-01	A	290	0.77	0.24	2.7E-01	A	280	1.22	0.23	3.8E-01
rs3787870	KCNJ6	21	38207323	G	394	0.80	0.14	1.2E-01	G	292	0.76	0.17	1.0E-01	G	281	0.88	0.18	4.7E-01
rs3788061	CRYAA	21	43464191	A	383	1.22	0.31	5.1E-01	A	283	1.38	0.35	3.6E-01	A	275	1.20	0.40	6.6E-01
rs3788979	DPP4	2	162609135	T	394	1.02	0.21	9.2E-01	T	292	1.15	0.25	5.9E-01	T	281	0.91	0.28	7.5E-01
rs3790043	DDX24	14	93616218	G	391	1.00	0.15	9.9E-01	G	289	1.03	0.18	8.6E-01	G	279	0.98	0.18	9.1E-01
rs3791699	ERBB4	2	211982692	A	394	1.15	0.17	4.3E-01	A	292	1.24	0.21	3.0E-01	A	281	1.08	0.22	7.2E-01
rs3791878	GAD1	2	171380437	T	394	0.88	0.16	4.3E-01	T	292	0.72	0.20	9.7E-02	T	281	1.10	0.20	6.3E-01
rs3792208	GABRA4	4	46668795	A	394	0.78	0.23	3.0E-01	A	292	0.78	0.28	3.7E-01	A	281	0.72	0.31	2.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs3792311	ACSL1	4	185932318	A	394	0.94	0.16	7.0E-01	A	292	1.04	0.19	8.3E-01	A	281	0.77	0.20	1.9E-01
rs3792738	CRHBP	5	76283540	A	394	1.19	0.24	4.7E-01	A	292	1.25	0.30	4.5E-01	A	281	1.25	0.30	4.6E-01
rs3793768	SCD	10	102105764	T	394	0.88	0.15	3.8E-01	T	292	1.01	0.18	9.7E-01	T	281	0.78	0.19	1.8E-01
rs3793993	CCKBR	11	6242129	C	394	1.07	0.18	7.2E-01	C	292	1.02	0.22	9.3E-01	C	281	1.10	0.22	6.7E-01
rs3794186	TCIRG1	11	67577612	A	394	0.92	0.29	7.7E-01	A	292	1.01	0.34	9.9E-01	A	281	0.81	0.37	5.7E-01
rs3794808	SLC6A4	17	25555919	T	394	0.81	0.14	1.3E-01	T	292	0.87	0.17	4.1E-01	T	281	0.82	0.18	2.8E-01
rs3796285	AIM	3	189735795	A	394	1.09	0.14	5.4E-01	A	292	1.18	0.17	3.2E-01	A	281	1.03	0.17	8.7E-01
rs3797739	CAMK4	5	110810173	C	394	1.21	0.16	2.5E-01	C	292	1.38	0.19	9.9E-02	C	281	1.03	0.21	8.9E-01
rs3797746	CAMK4	5	110786988	C	394	0.93	0.14	6.3E-01	C	292	0.85	0.17	3.5E-01	C	281	1.08	0.17	6.7E-01
rs3798575	ESR1	6	152438096	G	394	1.05	0.21	8.3E-01	G	292	0.90	0.27	7.1E-01	G	281	1.08	0.26	7.6E-01
rs3798577	ESR1	6	152462823	C	393	0.85	0.14	2.6E-01	C	291	0.78	0.17	1.5E-01	C	281	0.94	0.18	7.2E-01
rs379944	OPRD1	1	29072586	T	394	0.78	0.32	4.3E-01	T	292	0.99	0.37	9.7E-01	T	281	0.61	0.45	2.8E-01
rs3800473	PACSL1	6	34544948	A	394	1.01	0.17	9.3E-01	A	292	0.99	0.20	9.6E-01	A	281	1.10	0.21	6.7E-01
rs3800787	NOS3	7	150344569	C	388	1.10	0.15	5.3E-01	C	287	1.09	0.18	6.3E-01	C	276	1.10	0.19	6.2E-01
rs3801101	ETV1	7	13967654	C	394	1.45	0.33	2.6E-01	C	292	1.44	0.39	3.5E-01	C	281	1.49	0.40	3.2E-01
rs3801734	CACNA2D1	7	81624853	G	393	1.01	0.15	9.6E-01	G	292	1.19	0.17	3.3E-01	G	280	0.81	0.19	2.8E-01
rs3801742	CACNA2D1	7	81618705	G	394	1.02	0.15	8.8E-01	G	292	1.18	0.18	3.5E-01	G	281	0.89	0.19	5.4E-01
rs380400	AGTR1	3	149943390	G	392	1.11	0.23	6.5E-01	G	291	1.10	0.27	7.3E-01	G	279	1.05	0.29	8.7E-01
rs3804158	FGF2	4	124034350	G	394	0.86	0.15	3.1E-01	G	292	1.00	0.18	9.9E-01	G	281	0.74	0.19	1.1E-01
rs3804350	PPP3CA	4	102166953	T	394	1.17	0.17	3.6E-01	T	292	1.05	0.21	8.1E-01	T	281	1.29	0.20	2.2E-01
rs3804357	PPP3CA	4	102221146	A	393	1.10	0.15	5.4E-01	A	291	0.92	0.18	6.5E-01	A	280	1.27	0.19	2.0E-01
rs3804452	MAPK14	6	36184912	A	394	0.76	0.25	2.7E-01	A	292	0.99	0.28	9.8E-01	A	281	0.46	0.37	3.8E-02
rs3804772	ATP1B3	3	143116746	A	393	0.80	0.22	3.1E-01	A	291	0.64	0.30	1.3E-01	A	280	0.91	0.27	7.4E-01
rs3806268	NLRP3	1	245654100	G	393	0.99	0.15	9.4E-01	G	291	0.98	0.17	9.1E-01	G	281	1.06	0.18	7.3E-01
rs3806460	ATF3	1	210805458	T	389	0.93	0.20	7.0E-01	T	287	0.86	0.26	5.4E-01	T	277	1.14	0.25	5.9E-01
rs3806545	HTR2B	2	231698344	C	394	2.13	0.39	5.2E-02	C	292	2.11	0.46	1.0E-01	C	281	1.99	0.45	1.2E-01
rs3806919	GNB2L1	5	180603607	A	394	1.31	0.37	4.6E-01	A	292	1.32	0.43	5.2E-01	A	281	1.17	0.46	7.3E-01
rs3808627	OPRK1	8	54327355	T	394	1.14	0.19	5.0E-01	T	292	1.21	0.23	4.0E-01	T	281	1.05	0.24	8.3E-01
rs3809418	BDKRB2	14	95778983	A	394	0.84	0.42	6.8E-01	A	292	1.05	0.47	9.1E-01	A	281	0.53	0.63	3.1E-01
rs3810568	ADRA1D	20	4179258	C	394	0.71	0.28	2.2E-01	C	292	1.18	0.32	6.1E-01	C	281	0.43	0.44	5.5E-02
rs3811992	GABRA6	5	161049520	A	394	0.84	0.14	2.3E-01	A	292	0.83	0.17	2.9E-01	A	281	0.86	0.19	4.2E-01
rs3811995	GABRA6	5	161045271	C	394	0.84	0.14	2.3E-01	C	292	0.83	0.17	2.9E-01	C	281	0.86	0.19	4.2E-01
rs3813353	TAAR2	6	132971285	G	394	1.17	0.57	7.8E-01	G	292	1.53	0.62	4.9E-01	G	281	0.67	0.83	6.2E-01
rs3813354	TAAR5	6	132952327	T	394	1.09	0.24	7.2E-01	T	292	1.08	0.28	7.8E-01	T	281	0.98	0.32	9.5E-01
rs3813355	TAAR5	6	132952305	G	394	1.11	0.15	5.0E-01	G	292	1.18	0.18	3.6E-01	G	281	1.02	0.20	9.3E-01
rs3813470	GRIA1	5	153124409	A	394	1.09	0.14	5.3E-01	A	292	1.09	0.17	6.3E-01	A	281	1.11	0.18	5.6E-01
rs3813605	GNG5	1	84743535	T	393	1.14	0.18	4.8E-01	T	291	1.30	0.22	2.2E-01	T	280	0.93	0.25	7.6E-01
rs3813865	CYP2E1	10	135189234	C	393	1.08	0.41	8.5E-01	C	291	1.68	0.48	2.8E-01	C	280	0.80	0.61	7.1E-01
rs3813867	CYP2E1	10	135189595	C	394	1.20	0.42	6.7E-01	C	292	1.88	0.49	1.9E-01	C	281	0.89	0.61	8.6E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs3813928	HTR2C	23	113724538	A	392	1.70	0.19	5.3E-03	A	291	1.64	0.23	2.8E-02	A	280	1.79	0.23	1.2E-02
rs3813929	HTR2C	23	113724776	T	393	1.69	0.19	5.9E-03	T	292	1.62	0.23	3.2E-02	T	280	1.79	0.23	1.2E-02
rs3816027	CACNA1A	19	13196432	G	393	0.93	0.15	6.0E-01	G	292	0.93	0.18	6.9E-01	G	280	0.87	0.19	4.7E-01
rs3816596	GABRB2	5	160907910	T	393	1.00	0.14	9.8E-01	T	292	1.06	0.17	7.2E-01	T	280	0.93	0.19	7.0E-01
rs3821664	P2RY12	3	152584995	G	394	1.40	0.29	2.5E-01	G	292	1.65	0.33	1.3E-01	G	281	1.13	0.40	7.6E-01
rs3821667	P2RY12	3	152541131	A	394	1.32	0.19	1.5E-01	A	292	1.06	0.26	8.1E-01	A	281	1.66	0.23	3.0E-02
rs3821767	SLC6A11	3	10898941	A	390	0.71	0.24	1.5E-01	A	289	0.84	0.28	5.3E-01	A	277	0.58	0.34	1.1E-01
rs3822222	CCKAR	4	26099750	A	394	1.11	0.22	6.6E-01	A	292	0.92	0.28	7.6E-01	A	281	1.39	0.27	2.2E-01
rs3823920	CACNA2D1	7	81618658	T	392	0.97	0.15	8.4E-01	T	290	1.07	0.18	7.2E-01	T	281	0.89	0.19	5.5E-01
rs3825103	NOS1	12	116224892	C	394	1.15	0.20	4.8E-01	C	292	0.96	0.25	8.7E-01	C	281	1.30	0.24	2.7E-01
rs3826501	TRPV1	17	3435560	T	394	0.96	0.17	8.0E-01	T	292	0.96	0.20	8.4E-01	T	281	0.97	0.21	8.9E-01
rs3827199	KCNJ6	21	38149472	A	394	1.01	0.14	9.4E-01	A	292	1.08	0.17	6.6E-01	A	281	0.97	0.18	8.8E-01
rs3829161	CPN1	10	101815150	G	394	0.79	0.14	9.6E-02	G	292	0.73	0.17	6.2E-02	G	281	0.82	0.17	2.5E-01
rs3829708	P2RY4	23	69395474	T	394	0.92	0.28	7.8E-01	T	292	0.87	0.35	6.8E-01	T	281	0.97	0.36	9.3E-01
rs3829709	P2RY4	23	69395500	C	394	0.92	0.28	7.8E-01	C	292	0.87	0.35	6.8E-01	C	281	0.97	0.36	9.3E-01
rs3829897	DDC	7	50597258	T	393	1.20	0.15	2.3E-01	T	291	1.28	0.18	1.7E-01	T	280	1.11	0.19	5.8E-01
rs3842788	PTGS1	9	124180027	A	394	1.43	0.43	4.1E-01	A	292	1.38	0.49	5.1E-01	A	281	1.37	0.54	5.6E-01
rs3846866	PACSIN1	6	34551900	T	394	1.22	0.14	1.7E-01	T	292	1.30	0.17	1.3E-01	T	281	1.13	0.18	5.1E-01
rs3846867	PACSIN1	6	34556293	C	394	1.03	0.14	8.4E-01	C	292	0.88	0.17	4.6E-01	C	281	1.24	0.17	2.1E-01
rs3848328	GRIN2A	16	10002888	A	393	0.91	0.16	5.4E-01	A	291	0.91	0.20	6.2E-01	A	280	0.92	0.20	6.7E-01
rs3852745	GRIN2A	16	10156361	T	394	1.09	0.16	5.8E-01	T	292	1.07	0.19	7.2E-01	T	281	1.16	0.20	4.6E-01
rs38557	CACNA2D1	7	81720845	G	394	1.15	0.15	3.6E-01	G	292	1.26	0.18	2.1E-01	G	281	1.06	0.20	7.8E-01
rs387661	GABRG2	5	161476289	G	390	1.33	0.19	1.4E-01	G	288	1.34	0.23	2.1E-01	G	278	1.36	0.24	2.0E-01
rs3887820	KCNA2	1	110949603	A	377	0.60	0.29	8.2E-02	A	281	0.74	0.34	3.8E-01	A	271	0.39	0.43	3.1E-02
rs390200	DLG4	17	7050719	A	388	0.84	0.15	2.4E-01	A	287	0.75	0.18	1.1E-01	A	278	0.92	0.18	6.6E-01
rs3904668	PACSIN1	6	34571988	G	393	0.97	0.14	8.3E-01	G	291	0.87	0.18	4.2E-01	G	281	1.13	0.18	4.8E-01
rs3912537	AIM	8	62354583	G	394	0.75	0.22	1.9E-01	G	292	0.71	0.27	2.2E-01	G	281	0.82	0.27	4.6E-01
rs3918226	NOS3	7	150321109	T	394	0.70	0.27	1.9E-01	T	292	0.67	0.34	2.3E-01	T	281	0.71	0.34	3.1E-01
rs3923011	PRKCE	2	45883745	A	394	0.99	0.17	9.3E-01	A	292	0.99	0.20	9.6E-01	A	281	1.01	0.21	9.5E-01
rs3924001	SCN9A	2	166844835	A	394	0.96	0.15	7.7E-01	A	292	1.18	0.18	3.4E-01	A	281	0.78	0.19	1.9E-01
rs3924523	PRKCE	2	45848854	G	394	0.75	0.25	2.6E-01	G	292	0.89	0.29	7.0E-01	G	281	0.51	0.36	6.3E-02
rs3924999	NRG1	8	32572900	A	394	0.98	0.14	8.9E-01	A	292	1.02	0.17	9.0E-01	A	281	0.94	0.19	7.4E-01
rs3934936	SCN5A	3	38639313	T	394	0.99	0.16	9.3E-01	T	292	0.94	0.20	7.4E-01	T	281	1.03	0.20	8.8E-01
rs394886	ACCN1	17	28551621	T	394	1.05	0.32	8.7E-01	T	292	1.05	0.40	9.0E-01	T	281	1.19	0.40	6.6E-01
rs395357	TRPV3	17	3382830	T	393	1.11	0.14	4.8E-01	T	291	1.17	0.17	3.7E-01	T	281	1.01	0.18	9.6E-01
rs3978768	SCD	10	102111569	G	389	0.97	0.16	8.7E-01	G	291	1.05	0.19	7.9E-01	G	276	0.92	0.20	6.7E-01
rs3985938	CYP2D6	22	40841673	T	393	0.76	0.17	1.0E-01	T	291	0.57	0.22	1.0E-02	T	281	0.93	0.20	7.4E-01
rs401643	TRPV3	17	3386204	C	394	0.85	0.19	4.0E-01	C	292	0.89	0.23	6.2E-01	C	281	0.78	0.24	3.0E-01
rs402280	GRIK1	21	30129589	T	394	1.49	0.15	8.5E-03	T	292	1.45	0.18	3.7E-02	T	281	1.62	0.19	1.2E-02

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs403636	SLC6A3	5	1491354	A	393	0.85	0.20	3.9E-01	A	292	0.80	0.24	3.6E-01	A	280	0.83	0.26	4.7E-01
rs4073	IL8	4	74824888	A	393	0.82	0.14	1.5E-01	A	291	0.74	0.17	7.9E-02	A	280	0.90	0.18	5.5E-01
rs4076478	SCN11A	3	38970536	G	394	1.05	0.21	8.3E-01	G	292	1.16	0.25	5.5E-01	G	281	0.99	0.27	9.7E-01
rs4077374	GRIA1	5	153039078	C	394	1.43	0.15	1.5E-02	C	292	1.49	0.18	2.3E-02	C	281	1.39	0.19	7.8E-02
rs4077810	ITGAM	16	31248410	T	394	1.09	0.16	5.8E-01	T	292	1.12	0.19	5.6E-01	T	281	1.06	0.20	7.8E-01
rs4078135	TAAR2	6	132972435	T	393	1.05	0.15	7.3E-01	T	291	1.00	0.19	9.9E-01	T	280	1.10	0.19	6.2E-01
rs4086116	CYP2C9	10	96697192	T	394	1.02	0.18	9.3E-01	T	292	0.85	0.23	4.9E-01	T	281	1.18	0.23	4.5E-01
rs412227	LIPM	10	90480901	A	394	0.93	0.17	6.6E-01	A	292	1.05	0.21	8.1E-01	A	281	0.89	0.22	6.0E-01
rs4128572	GRIA1	5	153108908	A	394	1.09	0.14	5.3E-01	A	292	1.09	0.17	6.3E-01	A	281	1.11	0.18	5.6E-01
rs4131162	SCN9A	2	166876710	A	394	0.98	0.15	8.8E-01	A	292	0.95	0.18	7.6E-01	A	281	0.96	0.19	8.2E-01
rs4131610	ERBB4	2	212073855	A	394	0.92	0.16	5.8E-01	A	292	0.84	0.20	3.8E-01	A	281	1.07	0.20	7.3E-01
rs4132006	EPHB3	3	185764350	A	394	0.94	0.15	6.6E-01	A	292	0.92	0.18	6.4E-01	A	281	1.00	0.19	1.0E+00
rs4133101	PTGER4	5	40715324	T	392	0.87	0.15	3.7E-01	T	290	0.90	0.18	5.6E-01	T	280	0.87	0.19	4.5E-01
rs4133368	SCN11A	3	38886976	T	394	1.04	0.20	8.4E-01	T	292	1.26	0.24	3.4E-01	T	281	0.91	0.26	7.1E-01
rs4142900	HTR2A	13	46371551	T	394	1.08	0.14	6.1E-01	T	292	0.93	0.18	6.8E-01	T	281	1.16	0.18	4.0E-01
rs4144146	TAAR5	6	132958086	A	394	0.86	0.28	5.8E-01	A	292	0.96	0.33	9.0E-01	A	281	0.72	0.37	3.7E-01
rs4145160	GRIA1	5	152854742	A	394	1.06	0.23	8.1E-01	A	292	1.04	0.29	9.0E-01	A	281	1.16	0.29	6.0E-01
rs4146770	P2RY13	3	152531234	C	394	1.27	0.17	1.7E-01	C	292	1.16	0.21	5.0E-01	C	281	1.40	0.21	1.2E-01
rs4148727	ABCB1	7	87180702	G	394	0.87	0.53	7.9E-01	G	292	1.03	0.64	9.6E-01	G	281	0.86	0.70	8.3E-01
rs41505	ETV1	7	13996644	G	382	1.34	0.13	2.9E-02	G	284	1.63	0.16	2.0E-03	G	272	1.17	0.18	3.8E-01
rs4151117	CX3CL1	16	55974635	G	393	1.13	0.17	4.7E-01	G	291	0.90	0.21	6.1E-01	G	281	1.30	0.20	2.0E-01
rs415996	LIPM	10	90477699	T	381	0.79	0.16	1.3E-01	T	284	0.72	0.19	9.4E-02	T	273	0.86	0.19	4.5E-01
rs418210	GABRG2	5	161513561	T	393	1.33	0.16	7.4E-02	T	291	1.25	0.19	2.4E-01	T	281	1.36	0.20	1.1E-01
rs419598	IL1RN	2	113603678	C	394	0.99	0.15	9.4E-01	C	292	0.97	0.18	8.6E-01	C	281	1.03	0.20	8.9E-01
rs420121	GRIK1	21	30068479	A	394	0.91	0.15	5.4E-01	A	292	0.82	0.19	3.1E-01	A	281	1.07	0.19	7.3E-01
rs42051	CACNA2D1	7	81795481	T	393	0.94	0.15	6.8E-01	T	291	0.89	0.18	5.1E-01	T	280	0.97	0.18	8.9E-01
rs4233895	NTSR2	2	11723196	T	394	1.00	0.44	1.0E+00	T	292	0.80	0.61	7.1E-01	T	281	1.62	0.52	3.5E-01
rs4234955	NPY1R	4	164479726	G	394	0.97	0.15	8.2E-01	G	292	0.86	0.19	4.3E-01	G	281	1.12	0.19	5.6E-01
rs4240793	AIM	16	85946457	C	394	0.97	0.14	8.3E-01	C	292	1.03	0.17	8.6E-01	C	281	0.97	0.18	8.5E-01
rs4241539	RAB5A	3	19978615	G	392	1.03	0.17	8.6E-01	G	290	1.01	0.22	9.8E-01	G	280	1.09	0.21	7.0E-01
rs42460	SLC6A2	16	54295157	G	394	1.10	0.25	7.1E-01	G	292	0.96	0.31	8.9E-01	G	281	1.22	0.30	5.1E-01
rs4252041	IL1RN	2	113607081	T	394	1.08	0.39	8.5E-01	T	292	0.97	0.49	9.5E-01	T	281	1.27	0.47	6.1E-01
rs4253239	KLKB1	4	187385469	T	394	1.02	0.18	9.3E-01	T	292	0.89	0.22	6.1E-01	T	281	1.08	0.22	7.3E-01
rs4253252	KLKB1	4	187394452	T	394	0.78	0.14	7.8E-02	T	292	0.78	0.17	1.5E-01	T	281	0.79	0.18	1.9E-01
rs4253301	KLKB1	4	187410006	G	394	0.72	0.22	1.3E-01	G	292	0.71	0.28	2.2E-01	G	281	0.76	0.28	3.4E-01
rs4253325	KLKB1	4	187415467	A	394	0.87	0.24	5.5E-01	A	292	1.00	0.29	1.0E+00	A	281	0.84	0.31	5.7E-01
rs4265380	RUNX3	1	25165943	C	393	1.06	0.14	6.8E-01	C	291	0.87	0.17	4.0E-01	C	280	1.27	0.18	1.8E-01
rs4265409	AIM	1	161681183	T	394	1.11	0.14	4.8E-01	T	292	1.06	0.17	7.5E-01	T	281	1.18	0.18	3.7E-01
rs4274224	DRD2	11	112824662	G	394	1.07	0.15	6.6E-01	G	292	1.03	0.18	8.8E-01	G	281	1.12	0.18	5.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs4281084	NRG1	8	31614916	A	394	1.05	0.17	8.0E-01	A	292	1.03	0.21	9.1E-01	A	281	0.97	0.21	8.8E-01
rs4289044	ACCN1	17	28446652	G	394	0.89	0.18	5.3E-01	G	292	0.92	0.21	7.1E-01	G	281	0.81	0.23	3.7E-01
rs4297845	GAD1	2	171427785	A	394	1.14	0.14	3.3E-01	A	292	1.11	0.17	5.4E-01	A	281	1.27	0.17	1.7E-01
rs4299782	GRIA1	5	153059126	C	394	1.10	0.22	6.6E-01	C	292	1.23	0.26	4.3E-01	C	281	0.91	0.28	7.4E-01
rs4301502	ANXA1	9	74958003	A	394	1.45	0.31	2.3E-01	A	292	1.27	0.38	5.3E-01	A	281	1.85	0.37	9.3E-02
rs4302506	GRIA2	4	158458280	T	394	1.11	0.15	4.9E-01	T	292	1.16	0.19	4.3E-01	T	281	1.09	0.20	6.8E-01
rs4304105	GABRB2	5	160834408	T	394	1.00	0.21	1.0E+00	T	292	0.86	0.26	5.6E-01	T	281	1.19	0.26	5.1E-01
rs430517	LIPM	10	90514217	C	394	0.93	0.17	6.7E-01	C	292	1.03	0.21	8.7E-01	C	281	0.90	0.22	6.5E-01
rs4309	ACE	17	58913655	T	390	0.69	0.15	1.0E-02	T	290	0.68	0.18	2.9E-02	T	277	0.73	0.19	9.2E-02
rs4315640	SCN11A	3	38898704	A	394	1.07	0.21	7.5E-01	A	292	1.17	0.24	5.2E-01	A	281	0.88	0.29	6.7E-01
rs4316	ACE	17	58916041	T	391	0.68	0.15	9.1E-03	T	289	0.69	0.18	3.7E-02	T	280	0.70	0.19	5.6E-02
rs4320778	NGF	1	115676454	A	394	0.98	0.20	9.2E-01	A	292	1.16	0.24	5.3E-01	A	281	0.81	0.26	4.3E-01
rs4322502	GABARAPL1	12	10256612	T	393	0.90	0.27	7.0E-01	T	291	1.18	0.31	5.9E-01	T	281	0.64	0.39	2.6E-01
rs4326886	GABARAPL1	12	10259153	T	394	0.83	0.28	4.9E-01	T	292	1.03	0.32	9.2E-01	T	281	0.64	0.39	2.6E-01
rs4329829	PRKD1	14	29356933	T	394	0.95	0.16	7.4E-01	T	292	0.92	0.20	6.8E-01	T	281	1.06	0.21	7.9E-01
rs4336803	PLA2G4A	1	185161025	T	394	0.93	0.19	7.0E-01	T	292	1.19	0.22	4.3E-01	T	281	0.72	0.26	2.1E-01
rs4337623	GRK7	3	143008847	T	394	1.12	0.14	4.1E-01	T	292	1.04	0.17	8.0E-01	T	281	1.13	0.17	4.9E-01
rs4343	ACE	17	58919763	A	391	0.71	0.14	1.9E-02	A	290	0.72	0.18	5.9E-02	A	279	0.73	0.19	8.6E-02
rs435021	CAMK4	5	110678864	G	394	0.91	0.14	5.2E-01	G	292	1.09	0.17	6.3E-01	G	281	0.77	0.18	1.5E-01
rs4356975	UGT2B7	4	70007052	T	393	0.90	0.15	4.7E-01	T	291	0.87	0.19	4.5E-01	T	280	0.96	0.19	8.4E-01
rs4362	ACE	17	58927493	C	394	0.73	0.14	2.9E-02	C	292	0.71	0.17	5.5E-02	C	281	0.77	0.18	1.6E-01
rs4371451	SCN11A	3	38881041	C	394	1.19	0.17	3.1E-01	C	292	1.22	0.20	3.2E-01	C	281	1.16	0.22	5.1E-01
rs4375232	KCNK2	1	213337026	A	394	1.18	0.17	3.2E-01	A	292	1.46	0.20	5.7E-02	A	281	0.98	0.22	9.3E-01
rs4375236	KCNK2	1	213445983	T	394	0.76	0.19	1.4E-01	T	292	0.90	0.22	6.4E-01	T	281	0.61	0.25	5.0E-02
rs4380767	TAAR2	6	132988415	T	393	0.81	0.15	1.8E-01	T	291	1.04	0.18	8.3E-01	T	280	0.58	0.20	7.5E-03
rs4385264	GRIA1	5	153033928	A	392	1.35	0.14	3.1E-02	A	290	1.41	0.17	3.8E-02	A	279	1.29	0.18	1.5E-01
rs4392549	GRIA2	4	158483032	G	393	1.29	0.42	5.4E-01	G	291	1.70	0.46	2.4E-01	G	280	0.72	0.60	5.8E-01
rs4398451	RAB5A	3	19985890	C	394	1.15	0.15	3.4E-01	C	292	1.18	0.18	3.7E-01	C	281	1.20	0.19	3.3E-01
rs4399422	EFNB2	13	105944511	A	394	0.88	0.15	3.8E-01	A	292	0.95	0.18	7.8E-01	A	281	0.80	0.18	2.2E-01
rs440666	APP	21	26250046	T	394	1.16	0.16	3.4E-01	T	292	1.17	0.19	4.2E-01	T	281	1.07	0.20	7.3E-01
rs4407290	XDH	2	31460174	A	391	0.91	0.41	8.3E-01	A	290	1.05	0.49	9.3E-01	A	278	0.83	0.55	7.4E-01
rs4411417	GCH1	14	54390313	C	394	0.94	0.17	7.3E-01	C	292	0.94	0.21	7.8E-01	C	281	0.93	0.21	7.2E-01
rs4412435	NTRK2	9	86775317	C	394	1.04	0.14	7.8E-01	C	292	0.96	0.17	7.9E-01	C	281	1.08	0.18	6.8E-01
rs4419163	NALP12	19	59019380	A	392	1.05	0.18	7.8E-01	A	290	1.07	0.21	7.7E-01	A	279	1.02	0.23	9.4E-01
rs4424825	PRKD1	14	29362069	C	394	0.95	0.16	7.4E-01	C	292	0.92	0.20	6.8E-01	C	281	1.06	0.21	7.9E-01
rs4432799	GLRB	4	158226687	G	393	1.19	0.18	3.4E-01	G	291	1.39	0.21	1.2E-01	G	280	1.01	0.24	9.8E-01
rs4439987	TACR1	2	75140614	G	394	1.24	0.15	1.5E-01	G	292	1.24	0.18	2.3E-01	G	281	1.23	0.18	2.5E-01
rs4446102	PRKCE	2	45851371	C	394	0.99	0.15	9.4E-01	C	292	1.01	0.19	9.4E-01	C	281	0.92	0.19	6.7E-01
rs4453447	GABRB3	15	24554565	C	394	0.87	0.20	4.8E-01	C	292	1.22	0.23	3.9E-01	C	281	0.57	0.30	5.6E-02

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs4453709	SCN9A	2	166834700	T	394	0.91	0.14	5.2E-01	T	292	0.94	0.18	7.2E-01	T	281	0.86	0.18	4.2E-01
rs4459609	ACE	17	58902680	C	394	1.09	0.15	5.5E-01	C	292	1.00	0.18	1.0E+00	C	281	1.16	0.19	4.3E-01
rs4459610	ACE	17	58938452	A	394	0.99	0.15	9.4E-01	A	292	0.88	0.18	4.9E-01	A	281	1.16	0.19	4.3E-01
rs4461142	ACE	17	58931780	T	394	1.15	0.15	3.4E-01	T	292	1.16	0.18	4.3E-01	T	281	1.19	0.19	3.5E-01
rs4462317	RBMXL2	11	7069761	C	393	0.90	0.22	6.4E-01	C	291	0.93	0.26	7.9E-01	C	280	0.82	0.28	4.8E-01
rs4474484	TPH2	12	70701713	A	393	0.89	0.14	4.3E-01	A	291	0.78	0.18	1.8E-01	A	281	1.08	0.18	6.6E-01
rs4475186	GRIA2	4	158461990	G	394	1.10	0.15	5.4E-01	G	292	1.15	0.19	4.7E-01	G	281	1.07	0.20	7.2E-01
rs4475425	CHRM2	7	136225739	A	394	0.72	0.16	3.2E-02	A	292	0.69	0.19	5.6E-02	A	281	0.75	0.20	1.4E-01
rs4484738	AIM	8	121772608	G	393	0.70	0.16	2.8E-02	G	291	0.73	0.20	1.1E-01	G	280	0.75	0.21	1.5E-01
rs4490786	DDC	7	50511808	T	394	0.93	0.19	7.0E-01	T	292	1.05	0.22	8.4E-01	T	281	0.79	0.25	3.6E-01
rs4502882	GRIA1	5	153074191	C	393	0.83	0.15	2.2E-01	C	291	0.77	0.18	1.5E-01	C	280	0.89	0.19	5.2E-01
rs4504116	SCN11A	3	38928772	A	394	1.05	0.15	7.6E-01	A	292	1.16	0.19	4.1E-01	A	281	1.02	0.20	9.3E-01
rs4511483	AIM	15	69925644	A	394	1.03	0.17	8.7E-01	A	292	0.99	0.21	9.8E-01	A	281	1.06	0.21	7.8E-01
rs4514993	SCN11A	3	38921876	A	394	1.23	0.23	3.6E-01	A	292	1.16	0.28	5.9E-01	A	281	1.41	0.28	2.3E-01
rs4519549	TACR1	2	75237308	T	390	1.19	0.15	2.4E-01	T	291	1.19	0.17	3.1E-01	T	278	1.18	0.18	3.7E-01
rs4522461	ARRB2	17	4568522	T	394	0.96	0.17	8.0E-01	T	292	1.00	0.21	9.9E-01	T	281	0.87	0.22	5.2E-01
rs4526269	CAMK2B	7	44262832	T	385	1.24	0.15	1.5E-01	T	285	1.08	0.19	7.0E-01	T	274	1.51	0.19	2.8E-02
rs4530817	GRIA1	5	153055297	G	394	1.31	0.15	7.0E-02	G	292	1.30	0.18	1.5E-01	G	281	1.37	0.19	1.0E-01
rs4539107	KCNK2	1	213457202	T	394	0.85	0.19	3.9E-01	T	292	1.01	0.23	9.8E-01	T	281	0.71	0.25	1.7E-01
rs4541346	SCN11A	3	38868494	G	394	0.92	0.17	6.1E-01	G	292	1.01	0.21	9.5E-01	G	281	0.89	0.22	6.0E-01
rs4551188	GRM1	6	146529860	G	394	1.03	0.24	9.1E-01	G	292	0.99	0.28	9.8E-01	G	281	1.01	0.30	9.7E-01
rs4552421	NPY1R	4	164465113	A	393	1.12	0.23	6.3E-01	A	291	1.08	0.27	7.7E-01	A	281	1.16	0.29	6.0E-01
rs4565713	NGF	1	115671022	G	394	1.06	0.16	7.0E-01	G	292	1.06	0.19	7.5E-01	G	281	1.06	0.20	7.8E-01
rs4570308	MAOA	23	43396441	G	394	1.09	0.15	5.9E-01	G	292	1.14	0.18	4.7E-01	G	281	0.98	0.19	9.1E-01
rs4570625	TPH2	12	70618190	T	394	0.99	0.16	9.3E-01	T	292	1.09	0.19	6.7E-01	T	281	0.93	0.21	7.2E-01
rs457474	GRIK1	21	30203356	C	394	0.83	0.21	3.6E-01	C	292	0.65	0.27	1.2E-01	C	281	0.99	0.25	9.8E-01
rs4581480	DRD2	11	112829684	C	394	1.41	0.23	1.4E-01	C	292	1.26	0.28	4.1E-01	C	281	1.68	0.28	6.3E-02
rs4586	CCL2	17	29607382	C	394	0.90	0.15	5.0E-01	C	292	0.83	0.19	3.1E-01	C	281	1.04	0.19	8.2E-01
rs4586205	DRD2	11	112812339	G	394	1.31	0.17	1.0E-01	G	292	1.26	0.20	2.4E-01	G	281	1.42	0.21	1.0E-01
rs4591574	GABRB1	4	47118352	C	393	0.92	0.14	5.7E-01	C	291	1.02	0.17	9.2E-01	C	280	0.80	0.18	2.2E-01
rs4608351	ITGAM	16	31256349	T	394	1.08	0.16	6.4E-01	T	292	1.12	0.19	5.6E-01	T	281	1.03	0.20	8.9E-01
rs4610240	RAB5A	3	19960959	C	392	1.07	0.18	7.0E-01	C	290	0.97	0.22	8.9E-01	C	279	1.11	0.22	6.5E-01
rs4611457	ADCY7	16	48853495	G	393	0.82	0.15	1.9E-01	G	291	0.81	0.18	2.5E-01	G	280	0.80	0.19	2.4E-01
rs4618360	GLRB	4	158259160	C	394	1.25	0.15	1.5E-01	C	292	1.48	0.19	3.4E-02	C	281	1.03	0.19	8.9E-01
rs462393	GRIK1	21	30190441	A	394	0.84	0.21	4.1E-01	A	292	0.69	0.27	1.6E-01	A	281	0.99	0.25	9.8E-01
rs4628972	GRIN2A	16	9934617	G	393	1.37	0.15	3.3E-02	G	291	1.41	0.18	6.3E-02	G	280	1.26	0.18	2.1E-01
rs4632359	SCN9A	2	166863434	T	394	0.96	0.15	7.7E-01	T	292	1.18	0.18	3.4E-01	T	281	0.78	0.19	1.9E-01
rs4632602	NPY5R	4	164486579	C	394	1.12	0.22	5.9E-01	C	292	1.06	0.27	8.2E-01	C	281	1.33	0.27	2.9E-01
rs4633	COMT	22	18330235	C	391	1.24	0.14	1.4E-01	C	291	1.29	0.17	1.4E-01	C	278	1.16	0.18	4.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs463379	SLC6A3	5	1484164	C	394	0.97	0.17	8.6E-01	C	292	0.96	0.22	8.5E-01	C	281	1.00	0.22	9.9E-01
rs4633936	SCN9A	2	166822043	C	394	1.43	0.21	8.5E-02	C	292	1.46	0.25	1.2E-01	C	281	1.38	0.26	2.0E-01
rs463479	GRIK1	21	30189918	C	394	0.84	0.21	4.1E-01	C	292	0.65	0.27	1.2E-01	C	281	1.03	0.25	8.9E-01
rs464028	GRIK1	21	30118487	C	393	0.76	0.22	2.0E-01	C	291	0.77	0.27	3.2E-01	C	281	0.70	0.28	2.0E-01
rs464049	SLC6A3	5	1476905	G	380	1.09	0.14	5.5E-01	G	281	1.16	0.17	4.0E-01	G	269	1.02	0.18	9.0E-01
rs4647018	JUN	1	59019169	C	394	2.08	0.47	1.2E-01	C	292	2.45	0.52	8.5E-02	C	281	1.47	0.60	5.2E-01
rs4648318	DRD2	11	112818599	C	394	1.37	0.17	5.9E-02	C	292	1.29	0.20	2.1E-01	C	281	1.53	0.21	4.6E-02
rs4650708	PLA2G4A	1	185176740	C	394	0.79	0.16	1.5E-01	C	292	0.71	0.20	8.4E-02	C	281	0.85	0.20	4.3E-01
rs4653130	AIM	1	35576728	C	394	0.42	0.41	3.8E-02	C	292	0.42	0.52	9.6E-02	C	281	0.38	0.56	8.4E-02
rs4654814	EPHB2	1	22967008	T	394	1.20	0.16	2.6E-01	T	292	0.96	0.20	8.5E-01	T	281	1.53	0.20	3.3E-02
rs4654821	EPHB2	1	23032859	T	390	0.82	0.16	2.1E-01	T	288	0.84	0.19	3.8E-01	T	279	0.79	0.20	2.2E-01
rs4654824	EPHB2	1	23055717	T	394	0.83	0.16	2.4E-01	T	292	0.75	0.20	1.5E-01	T	281	0.97	0.19	8.6E-01
rs4655130	EPHB2	1	23048581	G	393	0.75	0.16	6.7E-02	G	292	0.79	0.19	2.3E-01	G	280	0.68	0.20	5.6E-02
rs4656093	GBP2	1	89344563	C	394	1.01	0.15	9.4E-01	C	292	0.87	0.18	4.6E-01	C	281	1.09	0.19	6.5E-01
rs4656095	GBP2	1	89351396	C	394	1.02	0.15	8.8E-01	C	292	0.87	0.18	4.6E-01	C	281	1.11	0.19	5.6E-01
rs466093	GRIK1	21	30188911	A	394	1.00	0.35	1.0E+00	A	292	1.31	0.40	5.0E-01	A	281	0.69	0.49	4.6E-01
rs466448	APP	21	26465979	G	394	0.85	0.14	2.5E-01	G	292	0.95	0.18	7.6E-01	G	281	0.75	0.18	1.3E-01
rs466612	GRIK1	21	30186260	T	394	1.12	0.33	7.4E-01	T	292	1.40	0.38	3.7E-01	T	281	0.83	0.45	6.8E-01
rs4667796	SCN3A	2	165733663	A	394	0.85	0.24	4.8E-01	A	292	1.05	0.27	8.5E-01	A	281	0.67	0.34	2.4E-01
rs466884	GRIK1	21	30118125	A	394	0.81	0.24	4.0E-01	A	292	0.79	0.30	4.4E-01	A	281	0.85	0.30	5.8E-01
rs4669765	NTSR2	2	11726105	G	393	0.85	0.15	2.6E-01	G	291	0.95	0.18	7.7E-01	G	281	0.80	0.18	2.4E-01
rs467028	GRIK1	21	30214807	T	394	0.83	0.21	3.6E-01	T	292	0.65	0.27	1.2E-01	T	281	0.99	0.25	9.8E-01
rs467407	GRIK1	21	30054668	G	394	0.86	0.16	3.3E-01	G	292	0.81	0.20	2.9E-01	G	281	0.87	0.20	4.7E-01
rs467422	CAMK4	5	110760976	C	394	1.19	0.21	4.0E-01	C	292	1.07	0.26	8.1E-01	C	281	1.21	0.25	4.6E-01
rs4679739	MME	3	156363064	T	394	1.03	0.15	8.2E-01	T	292	0.97	0.18	8.8E-01	T	281	1.09	0.19	6.4E-01
rs4683625	GRK7	3	143013500	G	394	0.99	0.15	9.4E-01	G	292	0.95	0.18	8.0E-01	G	281	0.94	0.19	7.6E-01
rs4684743	SLC6A11	3	10893297	A	392	0.88	0.16	4.2E-01	A	290	0.88	0.20	5.1E-01	A	280	0.86	0.20	4.6E-01
rs4687002	AIM	3	190104562	T	390	1.02	0.18	9.3E-01	T	290	1.03	0.21	9.0E-01	T	279	0.94	0.22	7.9E-01
rs4691394	GRIA2	4	158468483	A	394	1.07	0.21	7.5E-01	A	292	1.13	0.25	6.4E-01	A	281	1.04	0.27	8.9E-01
rs4691910	NPY1R	4	164468998	T	394	1.07	0.21	7.5E-01	T	292	1.07	0.26	8.0E-01	T	281	1.12	0.27	6.8E-01
rs4694637	IL8	4	74831698	G	394	0.84	0.14	2.1E-01	G	292	0.76	0.17	1.1E-01	G	281	0.94	0.18	7.2E-01
rs4713808	PACSL1	6	34590993	T	392	0.87	0.14	3.0E-01	T	290	0.75	0.17	9.1E-02	T	280	1.04	0.18	8.2E-01
rs4714854	RUNX2	6	45555912	T	394	0.96	0.14	7.7E-01	T	292	1.01	0.18	9.6E-01	T	281	0.92	0.18	6.4E-01
rs4719714	IL6	7	22727238	T	394	1.03	0.17	8.7E-01	T	292	0.98	0.20	9.2E-01	T	281	1.01	0.21	9.5E-01
rs472112	ARRB1	11	74699149	C	394	0.90	0.15	4.7E-01	C	292	0.84	0.18	3.1E-01	C	281	0.95	0.18	8.0E-01
rs4721415	AIM	7	15202657	A	394	1.38	0.22	1.4E-01	A	292	1.40	0.26	2.0E-01	A	281	1.45	0.26	1.6E-01
rs4728329	AKR1B10	7	133876367	A	394	0.82	0.28	4.8E-01	A	292	0.46	0.40	5.3E-02	A	281	1.17	0.33	6.3E-01
rs4732036	AKR1B10	7	133876328	C	394	1.32	0.16	7.6E-02	C	292	1.14	0.19	4.7E-01	C	281	1.40	0.20	9.2E-02
rs4732880	ADRA1A	8	26704887	T	394	0.96	0.16	8.1E-01	T	292	0.93	0.19	7.2E-01	T	281	0.97	0.20	9.0E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs4733130	NRG1	8	32526536	C	389	1.14	0.14	3.6E-01	C	288	1.00	0.17	9.8E-01	C	278	1.26	0.18	2.1E-01
rs4734497	YWHAZ	8	102004147	C	393	1.19	0.15	2.4E-01	C	291	1.40	0.19	7.5E-02	C	280	1.05	0.20	8.2E-01
rs4737761	AIM	8	54867106	A	394	1.15	0.31	6.5E-01	A	292	1.55	0.35	2.1E-01	A	281	0.85	0.42	7.0E-01
rs4738390	STAU2	8	74719702	G	394	1.48	0.45	3.8E-01	G	292	1.31	0.60	6.6E-01	G	281	2.43	0.53	9.6E-02
rs4747547	GAD2	10	26593566	G	392	0.92	0.19	6.5E-01	G	290	0.98	0.23	9.2E-01	G	279	0.84	0.24	4.8E-01
rs4749107	GAD2	10	26612848	G	394	0.98	0.16	8.8E-01	G	292	1.11	0.19	5.9E-01	G	281	0.83	0.20	3.3E-01
rs4751716	GRK5	10	121156855	C	394	1.11	0.15	5.0E-01	C	292	1.13	0.18	5.1E-01	C	281	1.04	0.19	8.2E-01
rs4752045	SLC18A2	10	119009680	C	392	0.93	0.14	6.3E-01	C	290	0.94	0.18	7.2E-01	C	279	0.89	0.18	5.2E-01
rs475717	HTR2C	23	113721638	G	393	0.88	0.19	5.2E-01	G	292	0.94	0.24	8.1E-01	G	280	0.82	0.24	4.0E-01
rs4760	PLAUR	19	48844940	G	393	0.94	0.20	7.4E-01	G	291	0.92	0.24	7.1E-01	G	280	0.97	0.25	8.9E-01
rs4760754	TPH2	12	70675106	T	394	0.90	0.14	4.8E-01	T	292	0.95	0.17	7.7E-01	T	281	0.90	0.18	5.4E-01
rs4761829	SCN8A	12	50367232	C	394	0.73	0.21	1.3E-01	C	292	0.64	0.27	9.1E-02	C	281	0.80	0.25	3.9E-01
rs4761831	SCN8A	12	50397424	C	394	0.77	0.22	2.4E-01	C	292	0.78	0.27	3.4E-01	C	281	0.72	0.28	2.4E-01
rs4762	AGT	1	228912600	A	394	1.00	0.21	1.0E+00	A	292	1.02	0.25	9.3E-01	A	281	0.95	0.26	8.3E-01
rs476632	HSP90AB1	6	44322303	T	385	0.90	0.15	4.6E-01	T	286	0.94	0.19	7.4E-01	T	275	0.80	0.19	2.5E-01
rs4776783	MAP2K1	15	64449161	G	390	1.49	0.21	6.0E-02	G	289	1.32	0.26	2.9E-01	G	277	1.89	0.25	1.2E-02
rs4780784	GRIN2A	16	10083589	G	394	1.05	0.23	8.2E-01	G	292	1.23	0.25	4.2E-01	G	281	0.75	0.31	3.5E-01
rs4782041	GRIN2A	16	9924405	C	394	0.92	0.15	6.0E-01	C	292	0.96	0.18	8.4E-01	C	281	0.93	0.19	7.2E-01
rs4783432	AIM	16	21858916	A	393	1.15	0.18	4.4E-01	A	291	1.18	0.22	4.5E-01	A	280	1.06	0.23	7.9E-01
rs4785210	ADCY7	16	48897655	T	392	0.99	0.17	9.3E-01	T	290	1.05	0.20	8.3E-01	T	279	1.03	0.22	8.9E-01
rs4785400	ADCY7	16	48868216	G	394	0.93	0.15	6.1E-01	G	292	0.93	0.18	6.7E-01	G	281	0.87	0.19	4.5E-01
rs4787645	AIM	16	30364851	T	393	0.80	0.15	1.2E-01	T	291	0.71	0.18	5.6E-02	T	281	0.90	0.18	5.7E-01
rs4789145	HN1	17	70646939	C	394	1.05	0.15	7.7E-01	C	292	0.99	0.19	9.5E-01	C	281	1.13	0.18	5.2E-01
rs4790145	TRPV3	17	3378436	G	390	0.99	0.14	9.4E-01	G	290	0.93	0.17	6.6E-01	G	277	1.10	0.18	5.8E-01
rs4790522	TRPV1	17	3416603	A	394	0.93	0.14	6.2E-01	A	292	0.87	0.18	4.2E-01	A	281	1.03	0.18	8.7E-01
rs4792887	CRHR1	17	41232791	T	393	1.27	0.26	3.5E-01	T	291	1.57	0.30	1.3E-01	T	281	0.86	0.35	6.7E-01
rs4795742	ACCN1	17	28428783	C	394	1.64	0.18	6.8E-03	C	292	1.68	0.22	1.9E-02	C	281	1.81	0.22	7.7E-03
rs4795754	ACCN1	17	28599288	G	394	0.82	0.15	2.0E-01	G	292	0.83	0.18	3.0E-01	G	281	0.86	0.19	4.3E-01
rs4796123	CCL5	17	31235573	C	393	1.10	0.20	6.3E-01	C	291	0.93	0.26	7.9E-01	C	280	1.22	0.24	4.0E-01
rs4801893	FPR2	19	56957884	T	394	0.97	0.15	8.2E-01	T	292	1.07	0.18	7.1E-01	T	281	0.86	0.19	4.2E-01
rs4803455	TGFB1	19	46543349	A	391	1.04	0.15	7.7E-01	A	289	1.08	0.17	6.7E-01	A	278	1.01	0.18	9.5E-01
rs480575	CAT	11	34424222	G	380	1.16	0.17	3.7E-01	G	281	1.09	0.20	6.7E-01	G	271	1.19	0.21	4.1E-01
rs4806773	NALP12	19	59000366	C	394	1.20	0.23	4.3E-01	C	292	1.24	0.27	4.3E-01	C	281	1.16	0.29	6.0E-01
rs4821402	MAPK1	22	20544746	G	392	0.88	0.14	3.4E-01	G	290	1.08	0.17	6.4E-01	G	280	0.70	0.18	4.8E-02
rs4821735	PICK1	22	36788915	G	393	0.93	0.15	6.2E-01	G	291	1.05	0.17	7.9E-01	G	280	0.81	0.19	2.6E-01
rs4821875	PDGFB	22	37956769	A	393	1.06	0.15	7.0E-01	A	291	0.94	0.19	7.3E-01	A	280	1.10	0.18	5.9E-01
rs4830542	ACE2	23	15486527	C	394	1.02	0.15	8.8E-01	C	292	1.15	0.17	4.3E-01	C	281	0.85	0.19	4.2E-01
rs4839145	ADORA3	1	111909358	C	394	0.98	0.15	8.8E-01	C	292	0.96	0.18	8.3E-01	C	281	0.98	0.19	9.1E-01
rs4841401	AIM	8	10527002	C	392	0.84	0.15	2.4E-01	C	290	0.66	0.18	2.5E-02	C	280	1.17	0.19	4.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs4845652	CHRNA2	1	152804829	T	394	1.03	0.26	9.0E-01	T	292	1.09	0.31	7.8E-01	T	281	1.09	0.33	8.0E-01
rs4846052	MTHFR	1	11780538	T	394	1.01	0.15	9.4E-01	T	292	1.13	0.19	5.2E-01	T	281	0.83	0.20	3.5E-01
rs4848300	IL1A	2	113244377	C	394	1.06	0.15	7.0E-01	C	292	1.14	0.19	4.9E-01	C	281	0.99	0.20	9.6E-01
rs4863731	AIM	4	141184618	G	393	1.08	0.15	6.3E-01	G	291	1.06	0.18	7.6E-01	G	280	1.06	0.19	7.6E-01
rs4867798	DRD1	5	174800505	C	392	1.30	0.16	1.0E-01	C	291	1.31	0.19	1.6E-01	C	279	1.28	0.20	2.2E-01
rs4869682	SLC1A3	5	36692475	T	394	0.97	0.15	8.3E-01	T	292	0.88	0.18	4.7E-01	T	281	1.06	0.18	7.3E-01
rs4869817	OPRM1	6	154508510	A	389	1.06	0.14	6.7E-01	A	287	0.99	0.17	9.7E-01	A	278	1.14	0.18	4.7E-01
rs4877877	NTRK2	9	86553244	C	394	1.10	0.15	5.4E-01	C	292	1.22	0.18	2.7E-01	C	281	1.04	0.20	8.3E-01
rs4880213	GRIN1	9	139150822	T	394	0.81	0.15	1.5E-01	T	292	0.76	0.18	1.3E-01	T	281	0.88	0.18	4.9E-01
rs488133	ESR1	6	152167137	T	394	0.75	0.16	6.6E-02	T	292	0.69	0.19	5.2E-02	T	281	0.79	0.19	2.2E-01
rs4883544	P2RX2	12	131712020	T	393	0.92	0.14	5.7E-01	T	291	0.98	0.18	9.1E-01	T	280	0.83	0.18	2.9E-01
rs4889490	AIM	16	30730548	T	394	0.74	0.15	3.7E-02	T	292	0.63	0.18	9.5E-03	T	281	0.91	0.18	6.2E-01
rs4896857	GRM1	6	146488865	G	394	1.00	0.30	1.0E+00	G	292	0.94	0.36	8.5E-01	G	281	0.97	0.37	9.3E-01
rs4896864	GRM1	6	146641193	T	394	0.66	0.65	5.2E-01	T	292	0.59	0.83	5.3E-01	T	281	0.67	0.83	6.2E-01
rs489790	ADRA1A	8	26772539	A	394	0.92	0.21	6.8E-01	A	292	0.76	0.26	3.0E-01	A	281	0.99	0.26	9.7E-01
rs4905149	DDX24	14	93586173	T	394	1.00	0.15	1.0E+00	T	292	1.09	0.18	6.3E-01	T	281	0.97	0.19	8.6E-01
rs490528	ARRB1	11	74679141	C	394	0.99	0.16	9.4E-01	C	292	1.05	0.19	8.2E-01	C	281	0.96	0.20	8.5E-01
rs4905470	BDKRB2	14	95762964	A	394	0.86	0.20	4.3E-01	A	292	0.90	0.24	6.6E-01	A	281	0.77	0.26	3.1E-01
rs4905474	BDKRB2	14	95767117	A	393	0.76	0.18	1.2E-01	A	291	0.84	0.21	4.0E-01	A	281	0.66	0.23	6.9E-02
rs4905475	BDKRB1	14	95791603	C	394	0.61	0.26	5.7E-02	C	292	0.59	0.34	1.2E-01	C	281	0.72	0.33	3.2E-01
rs4906902	GABRB3	15	24570861	G	394	0.84	0.18	3.6E-01	G	292	1.02	0.22	9.3E-01	G	281	0.71	0.24	1.6E-01
rs4911878	HTR2C	23	114047165	A	393	0.82	0.20	3.1E-01	A	291	0.85	0.24	4.9E-01	A	280	0.75	0.26	2.6E-01
rs4917639	CYP2C9	10	96715525	C	394	1.02	0.18	9.3E-01	C	292	0.85	0.23	4.9E-01	C	281	1.18	0.23	4.5E-01
rs4921241	ADRA1B	5	159299011	C	393	1.63	0.20	1.4E-02	C	291	1.44	0.24	1.3E-01	C	280	1.85	0.24	8.6E-03
rs4923463	BDNF	11	27629076	G	394	0.94	0.17	7.3E-01	G	292	0.97	0.20	8.7E-01	G	281	0.92	0.22	7.1E-01
rs492540	SLC6A13	12	221304	A	394	0.85	0.17	3.5E-01	A	292	0.97	0.21	8.7E-01	A	281	0.66	0.23	7.2E-02
rs4925543	NLRP3	1	245654154	A	388	1.15	0.39	7.2E-01	A	288	0.95	0.49	9.1E-01	A	275	1.27	0.47	6.1E-01
rs4926240	CACNA1A	19	13212594	T	392	1.10	0.16	5.4E-01	T	290	0.94	0.20	7.6E-01	T	281	1.36	0.19	1.1E-01
rs4926261	CACNA1A	19	13268095	C	394	1.22	0.14	1.7E-01	C	292	1.25	0.18	2.1E-01	C	281	1.12	0.18	5.2E-01
rs4930634	MRGPRD	11	68505779	T	394	1.00	0.14	1.0E+00	T	292	1.12	0.17	5.2E-01	T	281	0.83	0.18	3.2E-01
rs4936285	HTR3B	11	113322789	C	394	1.05	0.18	7.9E-01	C	292	1.03	0.21	8.8E-01	C	281	1.03	0.22	8.9E-01
rs4937387	KCNJ5	11	128278623	C	394	1.27	0.15	1.1E-01	C	292	1.29	0.19	1.8E-01	C	281	1.30	0.18	1.5E-01
rs4937390	KCNJ5	11	128285012	C	394	0.82	0.14	1.6E-01	C	292	0.83	0.17	2.7E-01	C	281	0.73	0.18	7.9E-02
rs494024	CAT	11	34421324	T	393	0.94	0.15	7.0E-01	T	291	0.95	0.18	7.6E-01	T	281	0.97	0.18	8.8E-01
rs4941573	HTR2A	13	46362858	G	386	0.96	0.15	7.6E-01	G	285	1.13	0.19	5.3E-01	G	276	0.84	0.19	3.8E-01
rs4947510	DDC	7	50492914	A	394	1.03	0.16	8.7E-01	A	292	1.13	0.19	5.3E-01	A	281	0.95	0.20	8.0E-01
rs4947963	EGFR	7	55055909	C	394	1.00	0.15	1.0E+00	C	292	0.86	0.19	4.1E-01	C	281	1.22	0.18	2.8E-01
rs4949	FMR1	23	146806873	G	394	1.09	0.15	5.6E-01	G	292	1.14	0.18	4.6E-01	G	281	1.01	0.18	9.7E-01
rs4952085	XDH	2	31424193	G	394	1.39	0.17	6.0E-02	G	292	1.56	0.21	3.0E-02	G	281	1.06	0.22	7.8E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs4952774	PRKCE	2	45874885	T	394	0.85	0.25	5.3E-01	T	292	0.92	0.31	7.9E-01	T	281	0.84	0.34	6.1E-01
rs495360	SLC6A13	12	197682	C	393	0.93	0.14	6.1E-01	C	291	0.86	0.17	4.0E-01	C	281	0.97	0.18	8.6E-01
rs495491	OPRM1	6	154424235	G	394	0.93	0.16	6.3E-01	G	292	0.81	0.20	3.0E-01	G	281	1.07	0.20	7.3E-01
rs4958667	GRIA1	5	152940571	G	394	0.93	0.15	6.0E-01	G	292	0.94	0.18	7.2E-01	G	281	0.88	0.19	5.1E-01
rs4958672	GRIA1	5	153028245	A	394	1.07	0.15	6.6E-01	A	292	1.06	0.17	7.3E-01	A	281	1.06	0.19	7.6E-01
rs4958676	GRIA1	5	153132470	A	394	1.15	0.18	4.3E-01	A	292	1.21	0.22	3.9E-01	A	281	1.20	0.22	4.2E-01
rs4968382	AIM	17	54947497	A	392	1.04	0.16	8.1E-01	A	290	1.15	0.19	4.6E-01	A	280	0.91	0.21	6.5E-01
rs4968591	ACE	17	58951850	C	394	0.90	0.14	4.7E-01	C	292	0.95	0.18	7.6E-01	C	281	0.83	0.18	3.2E-01
rs4971234	BTG2	1	201539989	A	394	0.90	0.23	6.4E-01	A	292	0.94	0.28	8.2E-01	A	281	0.80	0.30	4.6E-01
rs497332	OPRM1	6	154473085	C	394	1.17	0.25	5.3E-01	C	292	1.12	0.30	7.0E-01	C	281	1.11	0.31	7.3E-01
rs4973377	HTR2B	2	231690236	A	393	1.09	0.19	6.6E-01	A	291	1.21	0.22	4.0E-01	A	280	0.92	0.24	7.1E-01
rs4975646	SLC6A3	5	1486401	A	376	1.02	0.15	9.1E-01	A	279	0.99	0.18	9.6E-01	A	266	1.12	0.20	5.8E-01
rs4981115	AIM	14	31240826	T	393	1.27	0.28	4.1E-01	T	291	1.58	0.32	1.6E-01	T	280	0.92	0.38	8.2E-01
rs498177	HTR2C	23	113730946	G	393	1.18	0.15	2.7E-01	G	291	1.21	0.18	2.9E-01	G	281	1.13	0.19	5.1E-01
rs498246	ADRA1A	8	26788028	G	394	1.00	0.37	1.0E+00	G	292	0.78	0.47	5.9E-01	G	281	1.15	0.44	7.5E-01
rs498631	SCN1A	2	166585423	C	394	1.00	0.14	1.0E+00	C	292	1.22	0.18	2.7E-01	C	281	0.81	0.18	2.5E-01
rs4986790	TLR4	9	119515123	G	394	0.52	0.30	3.3E-02	G	292	0.55	0.36	1.0E-01	G	281	0.43	0.42	4.0E-02
rs499167	CHRM5	15	32135630	A	394	1.15	0.16	3.8E-01	A	292	1.09	0.19	6.4E-01	A	281	1.26	0.19	2.4E-01
rs4998	ADRB3	8	37940643	G	394	0.69	0.26	1.6E-01	G	292	0.79	0.32	4.6E-01	G	281	0.66	0.35	2.3E-01
rs502434	GRIA3	23	122364958	T	394	0.86	0.15	3.1E-01	T	292	0.82	0.18	2.6E-01	T	281	0.89	0.18	5.0E-01
rs502453	GRIA4	11	105321088	G	394	0.87	0.20	4.9E-01	G	292	0.79	0.24	3.1E-01	G	281	0.90	0.25	6.7E-01
rs5029748	IKBKB	8	42259706	T	394	0.86	0.16	3.4E-01	T	292	0.83	0.20	3.5E-01	T	281	0.85	0.20	4.3E-01
rs5046	AGT	1	228917021	A	394	0.76	0.24	2.4E-01	A	292	0.56	0.32	6.7E-02	A	281	0.93	0.29	8.1E-01
rs5049	AGT	1	228916706	T	394	0.81	0.23	3.5E-01	T	292	0.64	0.31	1.5E-01	T	281	0.93	0.29	8.1E-01
rs506233	ARRB1	11	74690183	G	392	1.20	0.15	2.2E-01	G	291	1.25	0.18	2.1E-01	G	280	1.10	0.19	6.0E-01
rs508859	P2RY2	11	72608454	G	389	0.68	0.21	6.4E-02	G	289	0.61	0.26	6.0E-02	G	279	0.72	0.26	2.2E-01
rs508865	HTR2C	23	113720371	C	394	1.26	0.15	1.3E-01	C	292	1.27	0.19	2.0E-01	C	281	1.29	0.19	1.7E-01
rs511662	ADRA1A	8	26762123	C	394	0.99	0.17	9.3E-01	C	292	1.11	0.20	6.0E-01	C	281	0.87	0.22	5.2E-01
rs511895	CAT	11	34444305	T	393	0.93	0.15	6.2E-01	T	291	0.93	0.18	7.1E-01	T	280	0.95	0.18	7.9E-01
rs5182	AGTR1	3	149942085	T	394	0.91	0.15	5.1E-01	T	292	0.79	0.18	2.1E-01	T	281	1.03	0.19	8.6E-01
rs5183	AGTR1	3	149942574	G	394	1.53	0.30	1.5E-01	G	292	1.36	0.34	3.7E-01	G	281	1.53	0.35	2.2E-01
rs519270	GABRA2	4	45969208	T	394	0.97	0.14	8.3E-01	T	292	0.98	0.17	9.0E-01	T	281	0.99	0.18	9.4E-01
rs5215	KCNJ11	11	17365206	C	393	1.00	0.15	9.8E-01	C	292	0.88	0.18	4.6E-01	C	280	1.17	0.18	4.0E-01
rs521674	ADRA2A	10	112825580	T	390	0.85	0.16	3.0E-01	T	289	1.01	0.19	9.6E-01	T	280	0.66	0.21	5.2E-02
rs5224	BDKRB2	14	95777210	A	393	1.48	0.19	4.3E-02	A	292	1.56	0.23	5.5E-02	A	280	1.59	0.25	6.1E-02
rs526805	GABRA2	4	45958148	C	393	0.97	0.14	8.4E-01	C	291	1.00	0.17	9.9E-01	C	280	0.97	0.18	8.5E-01
rs5275	PTGS2	1	184909681	G	394	1.11	0.15	5.0E-01	G	292	1.09	0.19	6.4E-01	G	281	1.15	0.19	4.7E-01
rs5277	PTGS2	1	184914820	G	393	0.88	0.19	4.9E-01	G	291	0.86	0.23	5.2E-01	G	280	0.85	0.24	5.0E-01
rs528257	ADRA1A	8	26777213	T	385	0.86	0.14	3.0E-01	T	284	0.89	0.17	5.0E-01	T	277	0.85	0.18	3.5E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs528833	ARRB1	11	74658687	A	394	0.97	0.14	8.3E-01	A	292	0.99	0.17	9.6E-01	A	281	0.98	0.18	8.9E-01
rs529520	OPRD1	1	29047533	A	393	1.26	0.15	1.1E-01	A	292	1.24	0.18	2.3E-01	A	280	1.24	0.18	2.4E-01
rs5320	DBH	9	135497294	A	378	1.69	0.32	1.0E-01	A	278	1.71	0.39	1.7E-01	A	270	1.72	0.37	1.4E-01
rs5326	DRD1	5	174802802	T	394	1.53	0.21	4.2E-02	T	292	1.31	0.26	3.0E-01	T	281	1.84	0.25	1.4E-02
rs533123	OPRD1	1	29013742	G	377	1.04	0.19	8.5E-01	G	279	1.08	0.23	7.4E-01	G	267	1.08	0.24	7.5E-01
rs534798	SCN1A	2	166693302	G	394	0.93	0.21	7.5E-01	G	292	0.77	0.28	3.7E-01	G	281	1.14	0.26	6.2E-01
rs536220	ADRA1A	8	26784354	G	393	0.80	0.14	1.2E-01	G	291	0.84	0.17	3.1E-01	G	280	0.79	0.18	1.8E-01
rs5374	GALR1	18	73091633	T	386	1.31	0.16	8.1E-02	T	287	1.17	0.19	4.0E-01	T	275	1.62	0.20	1.5E-02
rs538378	ADRA1A	8	26772632	A	392	0.92	0.21	6.8E-01	A	291	0.76	0.26	2.9E-01	A	279	1.00	0.26	9.9E-01
rs540375	GRIA1	5	152858920	G	393	0.97	0.16	8.5E-01	G	291	0.92	0.19	6.5E-01	G	281	0.99	0.20	9.6E-01
rs540825	OPRM1	6	154456139	A	393	0.99	0.17	9.7E-01	A	291	1.06	0.20	7.8E-01	A	280	0.87	0.22	5.4E-01
rs541805	AIM	9	25924932	G	393	1.07	0.17	7.0E-01	G	291	0.89	0.23	5.9E-01	G	281	1.30	0.21	2.1E-01
rs542269	CHRM1	11	62442113	C	394	1.14	0.15	3.7E-01	C	292	1.21	0.18	2.9E-01	C	281	1.04	0.19	8.4E-01
rs545654	NOS1	12	116261432	C	394	0.99	0.15	9.4E-01	C	292	0.97	0.18	8.9E-01	C	281	1.09	0.18	6.3E-01
rs548339	OPRM1	6	154502491	T	394	1.04	0.15	8.2E-01	T	292	1.07	0.19	7.4E-01	T	281	0.93	0.19	7.1E-01
rs5514	KLK1	19	56019345	A	393	0.66	0.32	2.0E-01	A	291	0.69	0.41	3.7E-01	A	280	0.77	0.41	5.3E-01
rs5517	KLK1	19	56015044	C	394	0.81	0.16	1.8E-01	C	292	1.02	0.19	9.3E-01	C	281	0.64	0.22	3.9E-02
rs552878	SCN1A	2	166561300	C	394	1.15	0.15	3.6E-01	C	292	0.92	0.20	6.6E-01	C	281	1.41	0.18	6.2E-02
rs554576	CAT	11	34440470	T	394	0.97	0.15	8.3E-01	T	292	0.92	0.18	6.6E-01	T	281	1.03	0.18	8.7E-01
rs555044	SLC6A13	12	206183	A	394	0.94	0.16	7.0E-01	A	292	0.85	0.20	4.0E-01	A	281	1.08	0.19	7.0E-01
rs556399	AIM	9	109995109	A	394	0.96	0.14	7.8E-01	A	292	0.97	0.17	8.6E-01	A	281	0.88	0.18	4.7E-01
rs556793	ADRA1A	8	26754984	C	392	0.95	0.15	7.2E-01	C	290	0.93	0.18	6.9E-01	C	279	0.93	0.19	7.1E-01
rs5569	SLC6A2	16	54289336	A	394	1.04	0.15	7.7E-01	A	292	1.02	0.17	9.2E-01	A	281	1.05	0.19	7.9E-01
rs5574	NPY	7	24295658	T	394	1.25	0.15	1.3E-01	T	292	1.10	0.17	5.7E-01	T	281	1.42	0.19	6.5E-02
rs557451	P2RY2	11	72604767	G	394	0.72	0.27	2.3E-01	G	292	0.67	0.34	2.4E-01	G	281	0.75	0.35	4.0E-01
rs561712	NOS1	12	116236452	T	393	1.00	0.15	9.9E-01	T	291	0.82	0.18	2.6E-01	T	281	1.18	0.18	3.5E-01
rs563649	OPRM1	6	154449660	T	394	0.78	0.27	3.5E-01	T	292	0.73	0.35	3.8E-01	T	281	0.84	0.34	6.1E-01
rs5638	PNMT	17	35079775	G	387	1.48	0.65	5.5E-01	G	286	1.77	0.83	4.9E-01	G	274	2.01	0.83	4.0E-01
rs564250	CAT	11	34415437	T	394	1.08	0.17	6.6E-01	T	292	1.33	0.20	1.6E-01	T	281	0.83	0.22	4.2E-01
rs5671	PTGER3	1	71285231	A	393	1.39	0.26	2.0E-01	A	291	1.76	0.29	5.4E-02	A	281	0.98	0.34	9.4E-01
rs5693	PTGER3	1	71247370	G	394	0.75	0.18	1.1E-01	G	292	0.63	0.24	5.1E-02	G	281	0.78	0.23	2.7E-01
rs569796	ARRB1	11	74728490	C	394	0.79	0.17	1.6E-01	C	292	0.75	0.21	1.7E-01	C	281	0.81	0.21	3.1E-01
rs570138	GABBR2	9	100507758	A	394	1.31	0.18	1.3E-01	A	292	1.24	0.22	3.2E-01	A	281	1.48	0.22	7.5E-02
rs5702	PTGER3	1	71104018	A	394	0.85	0.17	3.4E-01	A	292	0.86	0.21	4.6E-01	A	281	0.86	0.22	4.7E-01
rs573400	GABRA2	4	45946823	C	394	0.99	0.14	9.4E-01	C	292	0.97	0.18	8.6E-01	C	281	1.06	0.18	7.4E-01
rs573496	GRIA1	5	152873626	T	393	0.99	0.18	9.5E-01	T	292	0.91	0.22	6.7E-01	T	280	1.20	0.22	4.3E-01
rs573514	ADRA1A	8	26777198	G	393	0.86	0.15	3.2E-01	G	291	0.88	0.18	4.6E-01	G	280	0.88	0.18	4.7E-01
rs5742632	IGF1	12	101380604	G	394	0.75	0.17	8.7E-02	G	292	0.72	0.21	1.1E-01	G	281	0.76	0.21	1.8E-01
rs5761159	ADRBK2	22	24432308	T	394	0.74	0.15	4.6E-02	T	292	0.61	0.19	9.8E-03	T	281	0.97	0.19	8.8E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs5789	PTGS1	9	124183794	A	394	0.55	0.40	1.4E-01	A	292	0.80	0.43	6.0E-01	A	281	0.23	0.75	4.8E-02
rs585156	PRKCE	2	45755259	C	394	0.96	0.16	8.1E-01	C	292	1.09	0.19	6.4E-01	C	281	0.87	0.21	5.0E-01
rs588206	PRKCE	2	45739765	C	394	1.03	0.16	8.7E-01	C	292	1.06	0.19	7.8E-01	C	281	1.05	0.20	8.3E-01
rs589373	PRKACB	1	84421173	A	394	0.86	0.23	5.0E-01	A	292	0.50	0.33	3.8E-02	A	281	1.21	0.26	4.5E-01
rs5905512	MAOB	23	43611338	A	394	1.27	0.14	8.2E-02	A	292	1.18	0.16	3.1E-01	A	281	1.40	0.17	4.8E-02
rs5906729	MAOA	23	43405315	C	394	1.07	0.15	6.5E-01	C	292	1.12	0.19	5.4E-01	C	281	0.98	0.19	9.1E-01
rs5910006	GRIA3	23	122443336	C	394	0.87	0.14	3.3E-01	C	292	0.82	0.17	2.3E-01	C	281	0.88	0.17	4.8E-01
rs5917471	CYBB	23	37537458	T	394	0.84	0.15	2.4E-01	T	292	0.82	0.18	2.6E-01	T	281	0.91	0.19	6.1E-01
rs5934186	GLRA2	23	14588416	C	392	1.01	0.17	9.3E-01	C	291	0.96	0.20	8.5E-01	C	279	1.04	0.21	8.7E-01
rs5935787	GLRA2	23	14600032	T	394	0.98	0.15	8.8E-01	T	292	0.89	0.18	5.0E-01	T	281	1.09	0.18	6.3E-01
rs5935799	GLRA2	23	14641184	A	389	0.98	0.14	8.8E-01	A	288	0.88	0.17	4.7E-01	A	278	1.08	0.17	6.5E-01
rs5935802	GLRA2	23	14651869	C	394	0.97	0.14	8.3E-01	C	292	0.87	0.18	4.2E-01	C	281	1.09	0.18	6.4E-01
rs5964125	CYBB	23	37543395	G	394	0.96	0.19	8.5E-01	G	292	0.81	0.24	3.9E-01	G	281	1.18	0.23	4.9E-01
rs5980064	GLRA2	23	14646660	C	394	1.00	0.14	1.0E+00	C	292	0.89	0.17	5.2E-01	C	281	1.11	0.18	5.6E-01
rs5995570	CSNK1E	22	37054078	T	394	1.09	0.14	5.4E-01	T	292	1.00	0.16	9.8E-01	T	281	1.19	0.17	3.1E-01
rs5999752	MAPK1	22	20518183	A	389	1.13	0.14	3.7E-01	A	288	0.97	0.17	8.6E-01	A	278	1.31	0.17	1.1E-01
rs599980	GRIA4	11	105224554	G	394	1.55	0.21	3.5E-02	G	292	1.61	0.24	5.1E-02	G	281	1.49	0.26	1.2E-01
rs6001093	CSNK1E	22	37031339	C	394	0.98	0.17	9.3E-01	C	292	1.46	0.20	5.3E-02	C	281	0.52	0.27	1.5E-02
rs600674	PRKACB	1	84473839	T	394	1.25	0.18	2.1E-01	T	292	1.59	0.21	2.9E-02	T	281	0.89	0.24	6.2E-01
rs6017486	KCNS1	20	43158293	A	390	1.12	0.16	4.6E-01	A	291	1.28	0.19	1.9E-01	A	278	0.90	0.21	6.1E-01
rs6017488	KCNS1	20	43164436	G	394	0.65	0.20	3.0E-02	G	292	0.64	0.24	6.3E-02	G	281	0.62	0.25	5.5E-02
rs6023367	AIM	20	52625318	A	394	0.97	0.19	8.5E-01	A	292	0.93	0.22	7.4E-01	A	281	1.00	0.23	9.8E-01
rs602383	PTGER3	1	71164234	T	394	1.03	0.15	8.2E-01	T	292	0.94	0.18	7.1E-01	T	281	1.17	0.19	4.0E-01
rs6052456	ADRA1D	20	4173573	T	377	1.04	0.17	8.2E-01	T	279	1.00	0.21	9.9E-01	T	268	1.07	0.22	7.7E-01
rs6061779	AIM	20	59414462	A	392	0.99	0.20	9.6E-01	A	290	1.19	0.24	4.6E-01	A	281	0.81	0.26	4.2E-01
rs60637	SCN8A	12	50487009	C	388	0.81	0.16	1.8E-01	C	286	0.82	0.19	3.0E-01	C	278	0.78	0.20	2.1E-01
rs6067008	STAU1	20	47254514	C	394	1.20	0.16	2.6E-01	C	292	1.11	0.20	6.0E-01	C	281	1.24	0.20	2.8E-01
rs606816	PRKACB	1	84492964	A	394	1.63	0.26	6.1E-02	A	292	1.99	0.29	1.8E-02	A	281	1.18	0.33	6.3E-01
rs6089789	OPRL1	20	62202436	T	394	1.52	0.29	1.5E-01	T	292	1.62	0.34	1.6E-01	T	281	1.41	0.37	3.6E-01
rs6089930	NTSR1	20	60829446	G	392	0.85	0.15	2.7E-01	G	291	0.84	0.18	3.4E-01	G	280	0.87	0.19	4.8E-01
rs6090041	OPRL1	20	62183120	G	394	1.07	0.15	6.5E-01	G	292	1.13	0.19	5.2E-01	G	281	1.07	0.20	7.4E-01
rs6090043	OPRL1	20	62188374	T	394	0.94	0.15	6.6E-01	T	292	0.95	0.17	7.8E-01	T	281	0.88	0.19	5.1E-01
rs609148	OPRM1	6	154472707	A	394	1.00	0.16	1.0E+00	A	292	1.07	0.19	7.2E-01	A	281	0.87	0.22	5.2E-01
rs610115	PRKCE	2	45731165	G	389	0.89	0.15	4.4E-01	G	287	1.01	0.19	9.7E-01	G	279	0.81	0.19	2.6E-01
rs6104012	KCNS1	20	43167985	G	394	0.73	0.18	9.0E-02	G	292	0.66	0.23	6.5E-02	G	281	0.76	0.22	2.2E-01
rs610604	TNFAIP3	6	138241110	G	393	0.91	0.16	5.6E-01	G	291	0.94	0.19	7.3E-01	G	281	0.94	0.20	7.5E-01
rs6124684	KCNS1	20	43154907	T	394	1.10	0.16	5.3E-01	T	292	1.19	0.19	3.5E-01	T	281	0.95	0.20	8.0E-01
rs6141319	AIM	20	30608468	G	393	0.85	0.15	2.7E-01	G	291	0.82	0.18	2.9E-01	G	280	0.87	0.19	4.5E-01
rs615470	CHRNA5	15	76673043	T	393	1.00	0.14	9.8E-01	T	291	1.13	0.17	4.7E-01	T	281	0.87	0.19	4.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs616597	NFKBIZ	3	103052416	A	394	1.02	0.18	9.3E-01	A	292	1.20	0.21	3.9E-01	A	281	0.83	0.24	4.3E-01
rs616714	ARRB1	11	74722288	T	394	1.38	0.19	9.1E-02	T	292	1.72	0.22	1.5E-02	T	281	1.12	0.24	6.4E-01
rs618301	GRIA4	11	105171218	A	391	0.78	0.15	1.0E-01	A	290	0.82	0.19	2.7E-01	A	278	0.77	0.19	1.7E-01
rs621060	CHRM3	1	238058909	G	393	1.35	0.20	1.4E-01	G	291	1.20	0.25	4.7E-01	G	280	1.48	0.24	1.0E-01
rs6214	IGF1	12	101317699	T	394	0.84	0.14	2.3E-01	T	292	0.87	0.17	4.2E-01	T	281	0.76	0.18	1.3E-01
rs623956	OPRM1	6	154471718	G	394	1.00	0.16	1.0E+00	G	292	1.07	0.19	7.2E-01	G	281	0.87	0.22	5.2E-01
rs624945	STAU1	20	47224258	C	393	1.08	0.21	7.3E-01	C	291	1.10	0.26	7.1E-01	C	281	1.04	0.27	8.9E-01
rs6263	DDC	7	50563394	C	394	1.21	0.44	6.6E-01	C	292	1.69	0.48	2.7E-01	C	281	0.59	0.67	4.4E-01
rs6265	BDNF	11	27636492	T	392	0.93	0.18	6.7E-01	T	290	0.94	0.21	7.5E-01	T	279	0.90	0.23	6.6E-01
rs6269	COMT	22	18329952	G	392	1.16	0.14	2.9E-01	G	291	1.23	0.17	2.3E-01	G	279	1.11	0.18	5.4E-01
rs6277	DRD2	11	112788669	G	393	1.17	0.14	2.6E-01	G	291	1.04	0.17	8.1E-01	G	281	1.34	0.18	1.1E-01
rs6279	DRD2	11	112786283	G	393	1.20	0.15	2.4E-01	G	292	1.21	0.18	3.0E-01	G	280	1.21	0.20	3.4E-01
rs6280	DRD3	3	115373505	C	385	0.99	0.14	9.2E-01	C	285	1.10	0.17	5.9E-01	C	272	0.93	0.19	6.8E-01
rs6284	GABRB1	4	47016976	A	390	1.00	0.19	1.0E+00	A	289	0.99	0.23	9.8E-01	A	278	1.03	0.24	8.9E-01
rs628825	AIM	12	110436233	T	394	1.23	0.18	2.5E-01	T	292	1.16	0.21	4.8E-01	T	281	1.25	0.23	3.3E-01
rs6289	GABRB1	4	47103466	G	393	0.95	0.15	7.3E-01	G	291	1.03	0.18	8.8E-01	G	280	0.89	0.19	5.3E-01
rs6290	GABRB1	4	47103595	T	389	0.84	0.28	5.2E-01	T	290	0.61	0.39	2.1E-01	T	277	1.12	0.33	7.3E-01
rs6297	HTR1B	6	78228660	C	394	1.16	0.21	4.7E-01	C	292	1.25	0.25	3.8E-01	C	281	1.06	0.26	8.2E-01
rs6298	HTR1B	6	78229711	A	388	1.28	0.16	1.2E-01	A	288	1.20	0.20	3.6E-01	A	278	1.38	0.20	1.1E-01
rs6310	HTR2A	13	46368353	C	394	0.77	0.32	4.2E-01	C	292	0.59	0.44	2.4E-01	C	281	1.06	0.38	8.7E-01
rs6312	HTR2A	13	46368825	C	394	0.77	0.32	4.2E-01	C	292	0.59	0.44	2.4E-01	C	281	1.06	0.38	8.7E-01
rs6314	HTR2A	13	46307035	A	394	0.78	0.24	2.9E-01	A	292	0.84	0.28	5.3E-01	A	281	0.63	0.31	1.3E-01
rs6318	HTR2C	23	113871991	C	394	0.81	0.20	2.8E-01	C	292	0.83	0.24	4.4E-01	C	281	0.78	0.25	3.3E-01
rs6323	MAOA	23	43475980	G	394	0.98	0.15	8.8E-01	G	292	1.02	0.18	9.3E-01	G	281	0.89	0.19	5.4E-01
rs6330	NGF	1	115630836	A	394	1.01	0.15	9.4E-01	A	292	0.96	0.17	8.3E-01	A	281	1.02	0.18	9.1E-01
rs6337	NTRK1	1	155115619	C	394	1.03	0.16	8.7E-01	C	292	1.04	0.20	8.4E-01	C	281	1.15	0.20	5.0E-01
rs6355	SLC6A4	17	25572936	G	394	0.88	0.50	8.0E-01	G	292	0.59	0.68	4.4E-01	G	281	1.13	0.57	8.3E-01
rs6413419	CYP2E1	10	135195665	A	393	1.25	0.68	7.4E-01	A	291	0.44	1.13	4.7E-01	A	280	2.06	0.72	3.2E-01
rs6413420	CYP2E1	10	135190819	T	394	0.95	0.33	8.7E-01	T	292	1.39	0.35	3.6E-01	T	281	0.40	0.55	9.8E-02
rs6414248	AIM	3	112365016	G	394	0.88	0.17	4.5E-01	G	292	0.73	0.21	1.4E-01	G	281	1.12	0.21	5.8E-01
rs642544	GRIA4	11	105242230	G	394	0.97	0.15	8.2E-01	G	292	1.03	0.19	8.7E-01	G	281	0.88	0.19	5.2E-01
rs643272	AIM	18	38442319	T	394	0.98	0.15	8.8E-01	T	292	1.05	0.18	8.0E-01	T	281	0.89	0.20	5.7E-01
rs6432860	SCN1A	2	166606110	A	394	1.23	0.15	1.8E-01	A	292	0.96	0.20	8.4E-01	A	281	1.50	0.18	2.7E-02
rs6435660	ERBB4	2	212280184	T	394	1.11	0.14	4.7E-01	T	292	1.21	0.17	2.8E-01	T	281	1.01	0.19	9.7E-01
rs6437000	HTR2B	2	231685771	A	394	1.20	0.15	2.5E-01	A	292	1.19	0.19	3.5E-01	A	281	1.17	0.19	4.0E-01
rs6440047	ATP1B3	3	143098749	T	393	0.94	0.15	6.6E-01	T	291	0.93	0.18	6.8E-01	T	280	0.92	0.19	6.6E-01
rs6440049	ATP1B3	3	143104769	A	394	0.92	0.15	6.0E-01	A	292	0.88	0.19	4.9E-01	A	281	0.95	0.19	7.9E-01
rs6440735	P2RY13	3	152527422	T	392	1.27	0.17	1.6E-01	T	290	1.13	0.21	5.5E-01	T	280	1.48	0.21	6.2E-02
rs6442209	SLC6A11	3	10853049	C	394	0.67	0.34	2.5E-01	C	292	0.81	0.41	6.0E-01	C	281	0.50	0.50	1.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs6442211	SLC6A11	3	10886151	T	394	1.32	0.15	6.9E-02	T	292	1.20	0.19	3.3E-01	T	281	1.50	0.19	3.0E-02
rs6451535	PTGER4	5	40723788	G	394	1.03	0.16	8.7E-01	G	292	1.10	0.19	6.3E-01	G	281	1.02	0.20	9.3E-01
rs6454674	CNR1	6	88929649	G	394	1.07	0.15	6.4E-01	G	292	0.93	0.19	7.0E-01	G	281	1.12	0.19	5.5E-01
rs6454676	CNR1	6	88934174	A	393	0.93	0.23	7.4E-01	A	292	1.02	0.27	9.4E-01	A	280	0.83	0.30	5.4E-01
rs6457878	MAPK14	6	36184258	T	391	0.84	0.24	4.6E-01	T	289	0.77	0.33	4.2E-01	T	279	1.13	0.30	6.9E-01
rs6465606	TAC1	7	97192511	A	392	0.93	0.16	6.8E-01	A	290	0.88	0.20	5.2E-01	A	280	1.01	0.21	9.7E-01
rs6467538	AKR1B10	7	133914826	T	394	0.79	0.15	1.3E-01	T	292	0.99	0.18	9.6E-01	T	281	0.65	0.21	3.9E-02
rs6472257	CRH	8	67254734	T	394	0.89	0.24	6.3E-01	T	292	0.69	0.33	2.6E-01	T	281	1.27	0.29	4.1E-01
rs6472362	AIM	8	68994970	T	394	1.14	0.16	4.2E-01	T	292	1.13	0.19	5.2E-01	T	281	1.25	0.20	2.7E-01
rs6472788	STAU2	8	74669553	T	394	0.98	0.19	9.3E-01	T	292	0.96	0.22	8.5E-01	T	281	0.98	0.24	9.3E-01
rs6474388	IKKBK	8	42306311	A	394	0.57	0.31	7.2E-02	A	292	0.44	0.42	4.9E-02	A	281	0.71	0.38	3.6E-01
rs6479835	PRKG1	10	52417629	T	393	1.12	0.15	4.7E-01	T	291	1.09	0.18	6.2E-01	T	281	1.12	0.19	5.6E-01
rs6482597	ARL5B	10	19004846	G	394	1.05	0.15	7.6E-01	G	292	1.05	0.18	7.8E-01	G	281	0.96	0.19	8.2E-01
rs648893	OPRM1	6	154480321	G	394	1.00	0.16	1.0E+00	G	292	1.07	0.19	7.2E-01	G	281	0.87	0.22	5.2E-01
rs6490121	NOS1	12	116192578	G	392	1.01	0.15	9.4E-01	G	291	1.36	0.18	9.3E-02	G	279	0.71	0.20	8.5E-02
rs6496858	AIM	15	90062853	G	394	1.41	0.21	9.9E-02	G	292	1.58	0.25	7.3E-02	G	281	1.50	0.27	1.3E-01
rs650245	OPRM1	6	154470394	A	394	1.21	0.25	4.5E-01	A	292	1.12	0.30	7.0E-01	A	281	1.18	0.30	5.8E-01
rs6510332	AIM	19	38222770	A	393	0.91	0.16	5.4E-01	A	291	1.06	0.19	7.6E-01	A	280	0.80	0.20	2.8E-01
rs6516925	GRIK1	21	29977499	G	386	1.56	0.34	1.9E-01	G	285	0.98	0.46	9.7E-01	G	276	2.10	0.38	5.4E-02
rs6517428	KCNJ6	21	37979315	C	394	1.42	0.59	5.6E-01	C	292	1.85	0.64	3.4E-01	C	281	0.80	0.85	8.0E-01
rs6517442	KCNJ6	21	38211816	C	394	0.86	0.16	3.1E-01	C	292	0.87	0.19	4.5E-01	C	281	0.87	0.19	4.6E-01
rs6526822	GLRA2	23	14577617	T	394	1.00	0.15	1.0E+00	T	292	0.91	0.18	6.1E-01	T	281	1.09	0.18	6.4E-01
rs6534365	FGF2	4	124004898	T	393	0.80	0.15	1.3E-01	T	291	0.85	0.18	3.5E-01	T	280	0.77	0.19	1.7E-01
rs653576	ACCN2	12	48738975	C	391	0.90	0.43	8.0E-01	C	289	0.80	0.55	6.9E-01	C	278	1.09	0.52	8.7E-01
rs6536221	GRIA2	4	158363336	G	394	0.96	0.21	8.3E-01	G	292	1.02	0.26	9.4E-01	G	281	0.96	0.28	8.9E-01
rs6536231	GRIA2	4	158445130	A	394	1.08	0.16	6.4E-01	A	292	1.11	0.19	6.0E-01	A	281	1.09	0.20	6.7E-01
rs6536234	GRIA2	4	158495464	C	394	0.84	0.15	2.5E-01	C	292	0.89	0.19	5.3E-01	C	281	0.83	0.19	3.2E-01
rs6536721	NPY5R	4	164496347	A	390	1.24	0.15	1.5E-01	A	288	1.15	0.18	4.3E-01	A	279	1.42	0.19	6.5E-02
rs6537860	NGF	1	115657867	A	394	0.84	0.16	2.5E-01	A	292	0.78	0.19	2.1E-01	A	281	0.88	0.20	5.3E-01
rs6544874	PRKCE	2	46227889	A	394	1.31	0.20	1.7E-01	A	292	1.16	0.25	5.5E-01	A	281	1.64	0.24	3.9E-02
rs6545976	POMC	2	25248154	T	394	1.56	0.36	2.2E-01	T	292	1.04	0.46	9.4E-01	T	281	2.02	0.41	8.5E-02
rs6546366	PPP3R1	2	68343171	A	390	1.08	0.15	6.0E-01	A	288	0.95	0.19	8.0E-01	A	279	1.23	0.19	2.6E-01
rs6546952	TACR1	2	75155271	T	390	0.79	0.14	8.4E-02	T	291	0.81	0.17	2.0E-01	T	278	0.78	0.17	1.5E-01
rs6552216	AIM	4	178348998	T	394	1.20	0.18	3.2E-01	T	292	1.27	0.21	2.6E-01	T	281	1.05	0.23	8.3E-01
rs655590	AIM	1	35894634	G	394	0.59	0.40	1.8E-01	G	292	0.48	0.52	1.6E-01	G	281	0.65	0.49	3.8E-01
rs6557171	ESR1	6	152276286	T	394	1.05	0.16	7.5E-01	T	292	0.89	0.20	5.6E-01	T	281	1.22	0.20	3.1E-01
rs6561333	HTR2A	13	46318313	T	394	0.91	0.14	5.2E-01	T	292	0.88	0.18	4.7E-01	T	281	0.95	0.18	7.6E-01
rs6570754	GRM1	6	146636018	G	393	1.26	0.31	4.6E-01	G	291	1.55	0.35	2.2E-01	G	280	0.95	0.41	9.0E-01
rs6576603	GABRB3	15	24545745	C	394	0.84	0.26	5.1E-01	C	292	0.73	0.34	3.5E-01	C	281	0.94	0.32	8.6E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs6579906	GLRA1	5	151199199	G	394	0.91	0.14	4.8E-01	G	292	0.84	0.17	3.0E-01	G	281	0.93	0.18	7.0E-01
rs6590356	KCNJ5	11	128263279	A	394	0.84	0.14	2.1E-01	A	292	0.76	0.17	1.0E-01	A	281	0.92	0.17	6.4E-01
rs6590357	KCNJ5	11	128286549	T	393	0.87	0.18	4.3E-01	T	291	0.87	0.22	5.1E-01	T	281	0.79	0.23	3.2E-01
rs6592517	P2RY6	11	72655614	G	394	1.02	0.19	9.2E-01	G	292	1.21	0.24	4.1E-01	G	281	0.99	0.25	9.8E-01
rs6593206	EGFR	7	55147604	C	394	1.02	0.15	8.8E-01	C	292	1.14	0.18	4.8E-01	C	281	0.90	0.20	6.1E-01
rs6593430	AIM	10	44422502	G	394	0.56	0.28	3.5E-02	G	292	0.75	0.33	3.7E-01	G	281	0.43	0.41	3.7E-02
rs6595142	AIM	5	117895090	C	394	0.97	0.14	8.3E-01	C	292	0.83	0.17	2.9E-01	C	281	1.10	0.18	6.1E-01
rs6596438	HSPA9	5	137933347	G	394	1.23	0.15	1.5E-01	G	292	1.34	0.18	1.0E-01	G	281	1.19	0.18	3.5E-01
rs6599230	SCN5A	3	38649716	T	391	1.17	0.17	3.7E-01	T	290	1.34	0.20	1.5E-01	T	279	1.02	0.23	9.3E-01
rs6599240	SCN10A	3	38713721	A	394	0.81	0.14	1.5E-01	A	292	0.75	0.18	1.1E-01	A	281	0.81	0.18	2.5E-01
rs6599257	SCN10A	3	38779592	C	394	0.99	0.15	9.4E-01	C	292	0.92	0.19	6.6E-01	C	281	1.04	0.18	8.4E-01
rs660652	CHRNA5	15	76674887	A	394	0.99	0.14	9.4E-01	A	292	1.11	0.17	5.3E-01	A	281	0.87	0.19	4.4E-01
rs660756	OPRM1	6	154457127	G	393	1.01	0.15	9.7E-01	G	291	0.98	0.18	9.1E-01	G	280	0.98	0.19	9.3E-01
rs661000	PTGER3	1	71194152	G	394	0.88	0.16	4.0E-01	G	292	0.84	0.19	3.7E-01	G	281	0.82	0.20	3.2E-01
rs6610650	CYBB	23	37521454	A	394	1.00	0.19	1.0E+00	A	292	0.83	0.24	4.4E-01	A	281	1.24	0.23	3.5E-01
rs661148	GRIA4	11	105205536	A	394	0.85	0.22	4.5E-01	A	292	0.79	0.27	3.8E-01	A	281	0.85	0.28	5.6E-01
rs661968	CHRM5	15	32048361	C	394	1.08	0.39	8.5E-01	C	292	1.28	0.45	5.9E-01	C	281	0.93	0.51	8.8E-01
rs6626284	FMR1	23	146843578	C	394	1.11	0.15	5.0E-01	C	292	1.19	0.18	3.3E-01	C	281	0.98	0.18	9.3E-01
rs6630811	GLRA2	23	14600626	G	393	0.89	0.14	4.1E-01	G	291	1.01	0.17	9.5E-01	G	281	0.80	0.18	2.2E-01
rs664367	MAPK14	6	36127205	A	394	0.86	0.14	2.8E-01	A	292	0.83	0.18	2.9E-01	A	281	0.88	0.18	4.9E-01
rs6643915	HTR2C	23	114042839	G	394	0.82	0.20	3.2E-01	G	292	0.85	0.24	5.0E-01	G	281	0.76	0.26	2.8E-01
rs6651806	MAOB	23	43573908	C	394	0.69	0.16	1.5E-02	C	292	0.71	0.19	7.4E-02	C	281	0.69	0.19	5.2E-02
rs665554	GRIA4	11	105339382	G	393	0.93	0.15	6.4E-01	G	291	0.96	0.18	8.1E-01	G	281	0.91	0.19	6.3E-01
rs6656853	PTGER3	1	71097887	T	394	1.05	0.15	7.6E-01	T	292	1.10	0.18	6.2E-01	T	281	0.90	0.20	6.0E-01
rs6657343	CHRM3	1	237958134	T	394	1.05	0.14	7.3E-01	T	292	1.14	0.17	4.6E-01	T	281	0.96	0.18	8.1E-01
rs6661849	INADL	1	62277303	C	394	1.20	0.16	2.4E-01	C	292	1.27	0.19	2.1E-01	C	281	1.21	0.19	3.3E-01
rs6665	MME	3	156383899	C	394	0.96	0.15	7.6E-01	C	292	1.07	0.19	7.2E-01	C	281	0.93	0.20	7.0E-01
rs6669447	OPRD1	1	29021948	C	393	1.21	0.15	2.1E-01	C	291	1.19	0.19	3.5E-01	C	280	1.18	0.19	3.8E-01
rs6672420	RUNX3	1	25163597	A	394	1.04	0.14	7.8E-01	A	292	0.85	0.17	3.5E-01	A	281	1.23	0.18	2.4E-01
rs667282	CHRNA5	15	76650527	C	394	0.86	0.17	3.9E-01	C	292	0.86	0.21	4.9E-01	C	281	0.87	0.22	5.5E-01
rs667791	ARRB1	11	74677076	G	394	1.01	0.16	9.4E-01	G	292	1.03	0.18	8.7E-01	G	281	1.02	0.19	9.2E-01
rs6678136	RGS4	1	161303941	A	394	1.11	0.14	4.4E-01	A	292	1.12	0.18	5.1E-01	A	281	1.17	0.17	3.7E-01
rs668100	CX3CL1	16	55965147	T	394	0.76	0.34	4.1E-01	T	292	0.99	0.37	9.9E-01	T	281	0.40	0.55	9.8E-02
rs6685516	INADL	1	62114818	T	394	0.92	0.18	6.5E-01	T	292	0.90	0.22	6.4E-01	T	281	0.94	0.23	8.1E-01
rs6685551	INADL	1	61983069	A	394	0.97	0.16	8.7E-01	A	292	1.02	0.19	9.2E-01	A	281	0.90	0.21	5.9E-01
rs6685652	PLA2G4A	1	185098351	C	394	0.77	0.20	2.0E-01	C	292	0.75	0.25	2.5E-01	C	281	0.86	0.26	5.4E-01
rs6686067	ATP1A2	1	158368684	C	393	1.14	0.21	5.2E-01	C	292	1.28	0.24	3.0E-01	C	280	1.02	0.26	9.3E-01
rs6686510	ADORA3	1	111863735	C	394	1.16	0.15	3.1E-01	C	292	1.21	0.18	2.8E-01	C	281	1.06	0.18	7.5E-01
rs6696406	PLA2G4A	1	185094740	G	394	1.06	0.16	7.0E-01	G	292	1.07	0.18	7.1E-01	G	281	1.00	0.20	1.0E+00

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs6698337	INADL	1	62110395	A	393	0.90	0.14	4.5E-01	A	291	0.91	0.17	5.9E-01	A	280	0.84	0.18	3.1E-01
rs6702345	ADORA1	1	201332352	A	393	0.99	0.15	9.6E-01	A	291	1.13	0.18	5.1E-01	A	280	0.86	0.20	4.3E-01
rs6709005	TRPM8	2	234493462	C	394	0.84	0.19	3.8E-01	C	292	0.67	0.24	1.1E-01	C	281	1.03	0.24	8.9E-01
rs6709823	TRPM8	2	234541494	T	394	1.12	0.19	5.6E-01	T	292	1.17	0.23	5.1E-01	T	281	1.03	0.24	9.0E-01
rs6711727	KCNJ3	2	155304684	G	394	1.17	0.14	2.8E-01	G	292	1.16	0.17	3.8E-01	G	281	1.16	0.18	4.3E-01
rs6713532	POMC	2	25238337	C	393	0.96	0.17	8.3E-01	C	292	0.92	0.21	7.0E-01	C	280	1.03	0.22	8.9E-01
rs6715729	TACR1	2	75279236	G	394	0.88	0.14	3.5E-01	G	292	0.76	0.18	1.3E-01	G	281	0.96	0.18	8.1E-01
rs6718709	AIM	2	5257953	G	394	0.98	0.14	8.9E-01	G	292	0.89	0.17	5.0E-01	G	281	1.00	0.17	1.0E+00
rs6722462	SCN1A	2	166639772	C	394	0.71	0.15	2.3E-02	C	292	0.71	0.19	7.0E-02	C	281	0.72	0.19	8.7E-02
rs6723922	TRPM8	2	234573235	C	394	1.08	0.14	5.7E-01	C	292	1.06	0.17	7.3E-01	C	281	1.09	0.18	6.4E-01
rs6730511	PRKCE	2	46148353	A	393	0.58	0.36	1.2E-01	A	291	0.36	0.51	4.5E-02	A	280	0.76	0.42	5.2E-01
rs6733162	DPP4	2	162621744	G	393	1.32	0.15	5.7E-02	G	291	1.25	0.18	2.2E-01	G	280	1.47	0.18	3.6E-02
rs6733391	XDH	2	31456808	A	394	0.88	0.15	4.0E-01	A	292	0.84	0.19	3.4E-01	A	281	0.92	0.19	6.7E-01
rs6740118	TRPM8	2	234524845	T	394	0.84	0.20	3.8E-01	T	292	0.76	0.25	2.7E-01	T	281	0.93	0.25	7.8E-01
rs6741029	TACR1	2	75198703	T	394	0.88	0.15	4.1E-01	T	292	0.81	0.18	2.3E-01	T	281	0.91	0.19	6.3E-01
rs6741949	DPP4	2	162618469	C	381	1.03	0.14	8.6E-01	C	282	1.09	0.17	5.9E-01	C	270	0.96	0.18	8.1E-01
rs6742234	NTSR2	2	11715932	T	394	0.92	0.20	6.8E-01	T	292	1.14	0.24	6.0E-01	T	281	0.74	0.28	2.7E-01
rs6742737	PRKCE	2	46151418	A	393	1.11	0.15	4.8E-01	A	292	1.46	0.18	3.6E-02	A	280	0.85	0.19	3.8E-01
rs6747673	SCN9A	2	166853220	T	394	0.82	0.14	1.7E-01	T	292	0.98	0.17	8.9E-01	T	281	0.69	0.18	4.1E-02
rs675026	OPRM1	6	154456256	A	392	1.06	0.15	7.0E-01	A	290	1.10	0.19	6.1E-01	A	280	0.95	0.20	7.8E-01
rs675091	GRIA4	11	105358317	A	392	0.93	0.17	6.9E-01	A	290	0.82	0.22	3.7E-01	A	279	0.99	0.21	9.4E-01
rs6763211	SCN11A	3	38956762	C	394	1.23	0.23	3.6E-01	C	292	1.16	0.28	5.9E-01	C	281	1.41	0.28	2.3E-01
rs6771157	SCN10A	3	38738867	C	394	1.12	0.17	5.0E-01	C	292	1.23	0.21	3.1E-01	C	281	1.05	0.21	8.4E-01
rs6775197	SCN10A	3	38729651	A	394	0.39	0.60	1.1E-01	A	292	0.39	0.79	2.3E-01	A	281	0.44	0.79	3.0E-01
rs6776510	SCN11A	3	38862257	C	392	1.03	0.14	8.3E-01	C	290	0.91	0.17	5.8E-01	C	280	1.08	0.18	6.8E-01
rs677830	OPRM1	6	154470358	T	394	1.00	0.16	1.0E+00	T	292	1.07	0.19	7.2E-01	T	281	0.87	0.22	5.2E-01
rs6778866	RAB5A	3	19971512	C	393	0.81	0.21	3.1E-01	C	291	0.62	0.27	8.0E-02	C	281	1.04	0.25	8.9E-01
rs6778964	PRKCD	3	53183822	G	392	0.87	0.15	3.3E-01	G	291	0.72	0.18	7.8E-02	G	279	1.03	0.19	8.8E-01
rs6782694	ATP1B3	3	143110550	A	394	1.17	0.20	4.3E-01	A	292	0.94	0.26	8.1E-01	A	281	1.34	0.23	2.1E-01
rs6782922	SLC6A11	3	10957301	T	388	1.06	0.13	6.6E-01	T	289	1.18	0.16	3.2E-01	T	278	0.98	0.17	9.2E-01
rs678354	NFKBIZ	3	103055742	C	394	0.89	0.16	4.7E-01	C	292	0.96	0.19	8.2E-01	C	281	0.80	0.20	2.7E-01
rs6785	CREB1	2	208176242	A	394	0.90	0.19	5.6E-01	A	292	0.83	0.24	4.3E-01	A	281	0.92	0.24	7.4E-01
rs6785846	AIM	3	25714245	T	394	0.85	0.20	4.2E-01	T	292	0.90	0.24	6.6E-01	T	281	0.75	0.27	2.8E-01
rs6786732	SCN11A	3	38895207	C	394	1.01	0.14	9.4E-01	C	292	0.87	0.17	4.3E-01	C	281	1.13	0.18	5.0E-01
rs678849	OPRD1	1	29017775	C	394	1.08	0.14	6.1E-01	C	292	1.02	0.18	9.1E-01	C	281	1.07	0.18	7.3E-01
rs6790692	AIM	3	98695905	T	393	1.10	0.18	6.1E-01	T	292	0.79	0.24	3.1E-01	T	281	1.53	0.21	4.5E-02
rs679832	AIM	18	39208685	C	394	0.98	0.15	8.8E-01	C	292	0.93	0.18	7.0E-01	C	281	0.96	0.19	8.1E-01
rs6800541	SCN10A	3	38749836	C	394	0.92	0.14	5.7E-01	C	292	0.83	0.18	3.0E-01	C	281	0.99	0.17	9.4E-01
rs680109	GRIA4	11	105255919	A	390	1.02	0.15	9.2E-01	A	288	1.05	0.19	8.0E-01	A	278	0.96	0.19	8.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs680244	CHRNA5	15	76658343	T	394	1.01	0.14	9.4E-01	T	292	1.11	0.17	5.3E-01	T	281	0.89	0.18	5.3E-01
rs6807916	CACNA2D2	3	50507010	G	394	1.05	0.21	8.3E-01	G	292	1.02	0.25	9.3E-01	G	281	1.06	0.25	8.3E-01
rs6809264	SCN10A	3	38775767	C	391	1.14	0.17	4.3E-01	C	289	1.06	0.20	7.7E-01	C	279	1.18	0.20	4.2E-01
rs6809562	SLC6A11	3	10882556	A	394	0.69	0.26	1.6E-01	A	292	0.74	0.31	3.3E-01	A	281	0.65	0.34	2.2E-01
rs6812058	GRIA2	4	158511869	C	393	0.83	0.16	2.3E-01	C	291	0.88	0.19	5.0E-01	C	280	0.82	0.19	3.0E-01
rs6816610	GRIA2	4	158489856	G	384	0.86	0.15	3.3E-01	G	285	0.88	0.19	5.0E-01	G	274	0.88	0.19	5.0E-01
rs6826912	PPP3CA	4	102164162	G	393	1.27	0.35	5.0E-01	G	291	1.12	0.47	8.2E-01	G	280	1.49	0.40	3.2E-01
rs6837909	EREG	4	75459524	T	394	1.17	0.57	7.8E-01	T	292	1.21	0.66	7.7E-01	T	281	1.01	0.72	9.9E-01
rs684201	P2RX7	12	120054726	A	394	0.57	0.42	1.7E-01	A	292	0.46	0.56	1.6E-01	A	281	0.64	0.51	3.8E-01
rs6844775	GRIA2	4	158424988	C	394	1.43	0.43	4.0E-01	C	292	1.48	0.49	4.2E-01	C	281	1.23	0.53	7.0E-01
rs684513	CHRNA5	15	76645455	G	377	1.08	0.18	6.7E-01	G	277	1.09	0.22	7.1E-01	G	269	1.15	0.23	5.6E-01
rs6847043	GRIA2	4	158412885	C	394	1.05	0.16	7.6E-01	C	292	1.06	0.19	7.5E-01	C	281	1.10	0.20	6.3E-01
rs685019	P2RX7	12	120054859	A	386	0.90	0.17	5.1E-01	A	287	0.88	0.20	5.5E-01	A	274	0.97	0.21	8.9E-01
rs6851231	PPP3CA	4	102202630	G	394	1.27	0.17	1.7E-01	G	292	1.02	0.22	9.1E-01	G	281	1.58	0.21	3.0E-02
rs6851533	UGT2B7	4	70013339	C	394	0.94	0.14	6.7E-01	C	292	0.91	0.18	6.2E-01	C	281	1.00	0.18	9.9E-01
rs6852347	PPP3CA	4	102436590	C	394	0.80	0.15	1.4E-01	C	292	0.86	0.18	4.0E-01	C	281	0.74	0.19	1.3E-01
rs6855973	GRIA2	4	158506065	T	394	0.93	0.19	7.0E-01	T	292	0.88	0.24	5.9E-01	T	281	1.01	0.24	9.5E-01
rs685960	CHRM3	1	237991109	G	394	0.94	0.26	8.0E-01	G	292	0.77	0.33	4.3E-01	G	281	1.16	0.31	6.4E-01
rs686	DRD1	5	174801306	G	394	0.89	0.15	4.6E-01	G	292	0.78	0.18	1.8E-01	G	281	0.96	0.18	8.3E-01
rs6869645	SLC6A3	5	1457548	T	394	1.16	0.32	6.4E-01	T	292	0.72	0.42	4.3E-01	T	281	1.57	0.36	2.1E-01
rs6875225	CAMK4	5	110596828	C	393	0.99	0.14	9.5E-01	C	291	1.04	0.17	8.0E-01	C	280	0.96	0.18	8.1E-01
rs6882041	GABRB2	5	160874978	C	394	1.16	0.16	3.5E-01	C	292	1.01	0.19	9.6E-01	C	281	1.33	0.20	1.6E-01
rs6883553	CSNK1A1	5	148905539	A	393	1.15	0.16	4.0E-01	A	291	1.16	0.19	4.4E-01	A	281	1.09	0.21	6.8E-01
rs6883829	GABRA6	5	161055426	G	394	0.80	0.15	1.2E-01	G	292	0.72	0.18	7.4E-02	G	281	0.90	0.19	5.9E-01
rs6884129	ADRA1B	5	159311160	C	393	0.94	0.23	8.0E-01	C	291	0.76	0.30	3.7E-01	C	280	1.21	0.28	4.9E-01
rs6892282	ADRA1B	5	159293063	T	394	1.04	0.14	7.7E-01	T	292	1.02	0.18	9.3E-01	T	281	1.08	0.19	6.8E-01
rs690158	HSPA9	5	137940590	C	394	0.54	0.38	1.1E-01	C	292	0.42	0.52	9.6E-02	C	281	0.68	0.46	4.1E-01
rs6912029	OPRM1	6	154402201	T	393	0.64	0.36	2.2E-01	T	291	0.42	0.52	9.4E-02	T	280	0.80	0.42	6.0E-01
rs6912184	ESR1	6	152301899	G	394	0.91	0.17	6.0E-01	G	292	0.82	0.22	3.6E-01	G	281	0.98	0.22	9.4E-01
rs6914239	GRM1	6	146617363	C	394	1.16	0.31	6.4E-01	C	292	1.34	0.36	4.2E-01	C	281	0.96	0.41	9.2E-01
rs6915189	EZR	6	159138831	G	394	0.92	0.14	5.3E-01	G	292	0.93	0.18	6.9E-01	G	281	0.92	0.17	6.4E-01
rs6923492	GRM1	6	146797017	T	386	0.95	0.14	6.9E-01	T	286	0.91	0.17	5.9E-01	T	273	1.02	0.17	9.1E-01
rs6926750	ESR1	6	152194681	G	392	0.78	0.19	2.0E-01	G	290	0.69	0.24	1.4E-01	G	279	0.97	0.23	8.8E-01
rs6926774	AIM	6	5677819	G	393	1.00	0.15	9.9E-01	G	291	1.04	0.17	8.1E-01	G	280	0.94	0.18	7.5E-01
rs6927652	PACSN1	6	34541488	T	388	1.20	0.14	2.0E-01	T	287	1.12	0.17	5.1E-01	T	279	1.31	0.18	1.3E-01
rs692780	CHRNA5	15	76663560	C	394	1.02	0.14	8.9E-01	C	292	1.15	0.17	4.0E-01	C	281	0.89	0.19	5.2E-01
rs6928	MAPK1	22	20445004	C	394	0.89	0.14	4.1E-01	C	292	1.12	0.17	4.9E-01	C	281	0.70	0.18	4.8E-02
rs692995	SCN1A	2	166594195	G	394	2.02	0.39	7.0E-02	G	292	1.52	0.47	3.7E-01	G	281	2.38	0.44	4.8E-02
rs693534	NOS1	12	116269101	A	394	0.87	0.14	3.5E-01	A	292	0.71	0.18	5.7E-02	A	281	1.02	0.18	9.2E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs693955	SLC29A1	6	44299898	A	391	1.43	0.18	5.3E-02	A	290	1.25	0.23	3.2E-01	A	278	1.59	0.22	3.4E-02
rs694066	GAL	11	68209561	A	394	0.97	0.27	8.9E-01	A	292	0.89	0.33	7.2E-01	A	281	1.01	0.34	9.7E-01
rs6946119	ABCB1	7	86966801	C	394	1.21	0.16	2.5E-01	C	292	1.24	0.19	2.7E-01	C	281	1.10	0.21	6.4E-01
rs6955490	AIM	7	98812524	A	394	1.39	0.23	1.5E-01	A	292	1.60	0.27	8.4E-02	A	281	1.29	0.28	3.7E-01
rs6957496	CHRM2	7	136202377	G	394	0.92	0.24	7.2E-01	G	292	0.75	0.30	3.4E-01	G	281	1.01	0.29	9.7E-01
rs696	NFKBIA	14	34940844	T	394	0.91	0.15	5.4E-01	T	292	0.78	0.19	1.9E-01	T	281	1.15	0.19	4.7E-01
rs696092	CALCRL	2	187918459	G	394	0.87	0.15	3.3E-01	G	292	0.79	0.18	1.9E-01	G	281	0.98	0.18	9.2E-01
rs6962696	CAMK2B	7	44335590	A	393	1.44	0.21	7.8E-02	A	291	1.48	0.25	1.1E-01	A	281	1.31	0.25	2.8E-01
rs6967334	CACNA2D1	7	81899704	C	394	0.81	0.15	1.5E-01	C	292	0.74	0.17	8.5E-02	C	281	0.83	0.18	2.9E-01
rs6967593	IFRD1	7	111884028	C	394	1.11	0.15	4.6E-01	C	292	1.12	0.18	5.3E-01	C	281	1.19	0.18	3.4E-01
rs6975647	CACNA2D1	7	81894544	G	394	1.19	0.15	2.4E-01	G	292	1.25	0.17	1.9E-01	G	281	1.10	0.18	5.9E-01
rs6989854	ADRA1A	8	26692842	C	394	0.89	0.15	4.3E-01	C	292	0.83	0.17	2.8E-01	C	281	0.95	0.18	7.9E-01
rs6991838	AIM	8	66633516	G	394	0.68	0.15	8.2E-03	G	292	0.69	0.18	3.6E-02	G	281	0.67	0.18	2.9E-02
rs6992006	STAU2	8	74737928	T	394	1.43	0.28	2.1E-01	T	292	1.37	0.35	3.7E-01	T	281	1.64	0.34	1.5E-01
rs6992642	NRG1	8	32743929	C	394	1.00	0.14	1.0E+00	C	292	1.04	0.18	8.1E-01	C	281	0.89	0.18	5.3E-01
rs6995579	STAU2	8	74807188	T	393	0.89	0.21	5.8E-01	T	291	0.95	0.25	8.5E-01	T	280	0.82	0.28	4.9E-01
rs7005606	NRG1	8	32521043	G	394	1.14	0.14	3.6E-01	G	292	0.99	0.17	9.4E-01	G	281	1.28	0.18	1.7E-01
rs7007436	NRG1	8	32721934	G	392	1.00	0.16	1.0E+00	G	290	1.20	0.18	3.3E-01	G	280	0.78	0.21	2.4E-01
rs701265	P2RY1	3	154037047	G	394	1.04	0.19	8.5E-01	G	292	1.08	0.23	7.4E-01	G	281	1.03	0.24	8.9E-01
rs701492	GAD1	2	171410726	T	394	1.13	0.15	4.4E-01	T	292	1.05	0.19	8.0E-01	T	281	1.34	0.20	1.4E-01
rs7015090	STAU2	8	74703772	A	394	1.24	0.30	4.6E-01	A	292	1.24	0.35	5.3E-01	A	281	1.11	0.37	7.8E-01
rs7015100	IKBKB	8	42240133	C	394	1.60	0.37	2.1E-01	C	292	1.28	0.45	5.9E-01	C	281	1.81	0.43	1.7E-01
rs7020345	GABBR2	9	100208398	G	394	0.99	0.17	9.3E-01	G	292	0.98	0.20	9.2E-01	G	281	0.92	0.23	7.1E-01
rs702859	KCNJ6	21	37919571	G	394	0.92	0.15	5.6E-01	G	292	0.89	0.18	5.2E-01	G	281	1.03	0.19	8.8E-01
rs7041374	MPDZ	9	13243913	G	394	1.08	0.16	6.3E-01	G	292	1.34	0.19	1.3E-01	G	281	0.80	0.22	3.2E-01
rs706150	AKR1B10	7	133880347	T	392	2.04	0.62	2.5E-01	T	291	3.76	0.72	6.5E-02	T	279	1.36	0.92	7.4E-01
rs706160	AKR1B10	7	133871137	A	393	0.85	0.14	2.6E-01	A	291	1.03	0.17	8.6E-01	A	280	0.70	0.18	5.0E-02
rs706793	ACCN2	12	48754036	A	394	1.03	0.15	8.3E-01	A	292	1.14	0.17	4.4E-01	A	281	0.87	0.19	4.4E-01
rs707176	GRIA1	5	153010153	C	394	0.90	0.15	4.9E-01	C	292	0.91	0.19	6.1E-01	C	281	0.91	0.20	6.2E-01
rs7079	AGT	1	228904954	T	394	1.07	0.16	6.9E-01	T	292	1.02	0.19	9.1E-01	T	281	1.02	0.20	9.4E-01
rs7083450	PITX3	10	103974050	C	393	0.99	0.20	9.8E-01	C	291	0.78	0.27	3.5E-01	C	280	1.27	0.25	3.4E-01
rs709024	ADRA1D	20	4149984	T	392	0.98	0.14	8.7E-01	T	291	1.06	0.17	7.2E-01	T	280	0.96	0.18	8.2E-01
rs7093673	GRK5	10	120972346	T	392	0.75	0.15	6.0E-02	T	290	0.73	0.18	9.1E-02	T	280	0.76	0.19	1.6E-01
rs7095989	GRK5	10	121015087	C	394	1.23	0.14	1.5E-01	C	292	1.41	0.18	5.0E-02	C	281	1.09	0.18	6.5E-01
rs7101022	GRK5	10	121111158	A	390	1.19	0.17	3.1E-01	A	289	1.35	0.20	1.4E-01	A	278	1.03	0.22	8.9E-01
rs7103411	BDNF	11	27656701	C	394	0.91	0.17	6.0E-01	C	292	0.96	0.20	8.6E-01	C	281	0.89	0.22	6.0E-01
rs7103572	HTR3B	11	113295309	T	393	1.11	0.16	5.4E-01	T	291	1.06	0.20	7.8E-01	T	281	1.14	0.21	5.3E-01
rs7103679	DRD2	11	112808884	T	394	1.11	0.21	6.0E-01	T	292	0.89	0.26	6.5E-01	T	281	1.36	0.25	2.2E-01
rs7104301	CAT	11	34450214	G	394	0.92	0.16	6.3E-01	G	292	0.93	0.20	7.2E-01	G	281	0.92	0.20	7.0E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs7106462	P2RX3	11	56856927	A	393	1.31	0.19	1.5E-01	A	291	1.42	0.23	1.3E-01	A	280	1.36	0.23	1.8E-01
rs7111159	AIM	12	78632547	T	394	0.53	0.52	2.2E-01	T	292	0.32	0.78	1.4E-01	T	281	0.72	0.60	5.9E-01
rs7118824	KCNJ5	11	128287188	T	394	0.82	0.18	2.8E-01	T	292	0.80	0.22	3.2E-01	T	281	0.77	0.23	2.6E-01
rs7124442	BDNF	11	27633617	C	394	1.51	0.17	1.3E-02	C	292	1.29	0.19	1.9E-01	C	281	1.87	0.21	2.7E-03
rs7124769	GRIA4	11	105174696	A	392	0.32	0.59	5.0E-02	A	290	0.64	0.60	4.5E-01	A	279	0.00	####	1.0E+00
rs7127013	P2RY6	11	72676869	A	393	0.95	0.20	8.2E-01	A	291	1.17	0.24	5.3E-01	A	280	0.91	0.27	7.4E-01
rs7127461	ARRB1	11	74710166	C	394	1.43	0.15	1.8E-02	C	292	1.39	0.18	7.4E-02	C	281	1.42	0.18	5.7E-02
rs7129581	RBMXL2	11	7063468	C	394	0.96	0.21	8.3E-01	C	292	0.92	0.25	7.3E-01	C	281	0.95	0.26	8.3E-01
rs7142517	GCH1	14	54376554	A	394	1.11	0.15	5.0E-01	A	292	1.17	0.18	3.8E-01	A	281	1.02	0.19	9.3E-01
rs7154455	ESR2	14	63806413	C	394	0.90	0.15	4.9E-01	C	292	1.10	0.19	6.2E-01	C	281	0.78	0.19	2.0E-01
rs7154546	PRKD1	14	29349734	A	394	1.02	0.18	9.3E-01	A	292	1.15	0.21	5.0E-01	A	281	0.88	0.23	5.8E-01
rs7156359	PRKD1	14	29243196	C	394	0.98	0.14	8.8E-01	C	292	1.04	0.18	8.4E-01	C	281	0.88	0.19	4.9E-01
rs7158302	AIM	14	56720501	C	394	1.25	0.22	3.2E-01	C	292	1.17	0.26	5.5E-01	C	281	1.27	0.27	3.8E-01
rs716009	STAU2	8	74665463	C	394	0.92	0.17	6.2E-01	C	292	0.99	0.19	9.4E-01	C	281	0.78	0.22	2.5E-01
rs7162014	GABRG3	15	25436553	A	394	1.05	0.14	7.3E-01	A	292	1.10	0.17	5.5E-01	A	281	1.00	0.18	1.0E+00
rs7163836	ANXA2	15	58427520	T	394	1.02	0.14	8.9E-01	T	292	0.88	0.18	4.7E-01	T	281	1.21	0.18	2.8E-01
rs716518	GRIA1	5	152920649	G	392	2.25	0.55	1.4E-01	G	290	2.61	0.60	1.1E-01	G	279	1.63	0.68	4.8E-01
rs7166547	MAP2K1	15	64471444	T	394	0.74	0.19	1.1E-01	T	292	0.82	0.23	3.8E-01	T	281	0.66	0.25	9.8E-02
rs7170421	ANXA2	15	58421438	C	394	0.91	0.15	5.5E-01	C	292	1.00	0.18	9.9E-01	C	281	0.78	0.20	2.1E-01
rs7173713	GABRB3	15	24437247	T	394	0.94	0.21	7.5E-01	T	292	0.98	0.26	9.3E-01	T	281	1.06	0.26	8.2E-01
rs7176429	NTRK3	15	86220428	T	394	1.35	0.15	4.9E-02	T	292	1.46	0.18	3.8E-02	T	281	1.31	0.20	1.6E-01
rs717700	GRIN2B	12	13996048	T	394	0.79	0.49	6.3E-01	T	292	0.80	0.61	7.1E-01	T	281	0.89	0.61	8.6E-01
rs7177870	GABRG3	15	24862190	T	393	0.83	0.14	2.0E-01	T	291	0.75	0.17	9.6E-02	T	280	0.89	0.18	5.1E-01
rs718163	ADRBK2	22	24411873	T	394	0.81	0.14	1.3E-01	T	292	0.70	0.18	5.3E-02	T	281	0.95	0.18	7.9E-01
rs7191944	MC1R	16	88521379	G	394	0.82	0.16	2.3E-01	G	292	0.77	0.20	1.9E-01	G	281	0.87	0.20	4.8E-01
rs7194256	SLC6A2	16	54295192	T	394	1.04	0.20	8.4E-01	T	292	0.94	0.25	8.1E-01	T	281	1.16	0.24	5.4E-01
rs7201574	GRIN2A	16	10010559	G	394	0.90	0.19	5.8E-01	G	292	0.99	0.22	9.7E-01	G	281	0.80	0.24	3.4E-01
rs7208718	TRPV2	17	16279864	T	386	1.10	0.15	5.4E-01	T	286	1.13	0.19	5.1E-01	T	273	1.09	0.19	6.6E-01
rs7209436	CRHR1	17	41225913	T	393	1.00	0.14	1.0E+00	T	291	0.96	0.17	8.3E-01	T	281	0.97	0.18	8.5E-01
rs7214319	ACCN1	17	28501067	G	392	1.05	0.15	7.6E-01	G	290	0.94	0.19	7.5E-01	G	280	1.22	0.19	2.7E-01
rs7216486	TRPV3	17	3368782	G	393	0.98	0.15	8.8E-01	G	291	1.04	0.18	8.2E-01	G	281	0.95	0.18	7.6E-01
rs7219780	TRPV3	17	3365304	T	394	0.89	0.14	4.0E-01	T	292	0.88	0.17	4.5E-01	T	281	0.90	0.18	5.5E-01
rs722651	MPDZ	9	13096335	A	394	1.10	0.14	5.2E-01	A	292	1.21	0.18	2.8E-01	A	281	0.98	0.19	9.2E-01
rs722915	ADORA1	1	201354280	T	393	0.97	0.15	8.6E-01	T	291	1.05	0.19	8.0E-01	T	281	0.92	0.19	6.7E-01
rs724118	CACNA2D1	7	81822040	A	394	0.94	0.15	7.0E-01	A	292	0.91	0.19	6.2E-01	A	281	0.98	0.19	9.1E-01
rs7248	GABARAPL1	12	10266569	C	388	0.70	0.20	6.8E-02	C	288	0.80	0.24	3.5E-01	C	276	0.65	0.26	9.5E-02
rs7251403	CACNA1A	19	13237313	C	394	0.99	0.14	9.4E-01	C	292	1.02	0.18	9.2E-01	C	281	1.00	0.18	9.9E-01
rs726281	ESR1	6	152344271	G	386	0.93	0.17	6.7E-01	G	287	0.80	0.20	2.6E-01	G	275	1.04	0.20	8.3E-01
rs7271530	OPRL1	20	62198359	T	391	0.96	0.15	7.6E-01	T	290	0.99	0.17	9.5E-01	T	279	0.88	0.20	5.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs7272164	STAU1	20	47199604	C	394	1.05	0.15	7.6E-01	C	292	1.22	0.18	2.9E-01	C	281	0.92	0.19	6.8E-01
rs727422	SC5DL	11	120673388	A	394	1.94	0.29	2.2E-02	A	292	1.74	0.34	1.0E-01	A	281	2.04	0.35	4.0E-02
rs727605	GRIN2A	16	9863065	T	393	1.06	0.16	7.2E-01	T	291	1.06	0.19	7.5E-01	T	281	1.10	0.19	6.4E-01
rs728273	IFRD1	7	111855337	G	394	1.38	0.15	2.7E-02	G	292	1.73	0.18	2.2E-03	G	281	1.17	0.19	4.0E-01
rs7289981	CSNK1E	22	37049908	T	393	0.88	0.22	5.6E-01	T	291	1.44	0.25	1.5E-01	T	280	0.37	0.37	7.5E-03
rs729229	ADCY7	16	48890878	A	381	1.28	0.18	1.7E-01	A	280	1.37	0.21	1.3E-01	A	272	1.13	0.23	5.8E-01
rs7292634	ADRBK2	22	24399727	T	394	0.90	0.26	6.9E-01	T	292	0.63	0.36	2.0E-01	T	281	1.11	0.30	7.3E-01
rs729372	PRKACA	19	14088928	T	379	0.78	0.24	3.0E-01	T	281	0.82	0.29	4.9E-01	T	270	0.78	0.30	4.2E-01
rs7299582	TPH2	12	70642581	G	394	0.75	0.22	1.9E-01	G	292	0.67	0.28	1.6E-01	G	281	0.86	0.27	5.7E-01
rs730092	DDC	7	50503248	C	392	1.05	0.15	7.6E-01	C	290	1.09	0.18	6.4E-01	C	280	1.01	0.19	9.6E-01
rs7315855	TPH2	12	70709537	A	394	0.87	0.37	7.1E-01	A	292	0.79	0.45	6.1E-01	A	281	0.88	0.45	7.9E-01
rs732072	RELA	11	65184144	A	393	1.60	0.27	7.8E-02	A	291	1.31	0.31	3.9E-01	A	280	1.88	0.31	4.3E-02
rs7322914	EFNB2	13	105938911	T	392	0.94	0.15	6.8E-01	T	290	1.06	0.18	7.6E-01	T	279	0.83	0.20	3.3E-01
rs733370	AIM	4	6010036	A	394	1.26	0.15	1.2E-01	A	292	1.32	0.18	1.3E-01	A	281	1.21	0.19	3.2E-01
rs7341478	CACNA2D1	7	81592385	A	393	0.92	0.16	5.9E-01	A	291	1.00	0.20	9.8E-01	A	280	0.84	0.21	4.0E-01
rs734290	ADRA1D	20	4148595	T	392	1.23	0.18	2.5E-01	T	290	1.36	0.21	1.5E-01	T	280	1.12	0.23	6.2E-01
rs735112	PRKCE	2	45963929	G	392	1.05	0.15	7.7E-01	G	290	0.97	0.19	8.7E-01	G	279	1.11	0.19	5.7E-01
rs735555	CDK5	17	27841563	T	394	1.01	0.14	9.4E-01	T	292	0.97	0.16	8.7E-01	T	281	1.09	0.17	6.2E-01
rs736471	CACNA2D2	3	50494396	T	381	0.81	0.14	1.4E-01	T	282	0.92	0.17	6.5E-01	T	270	0.70	0.18	5.0E-02
rs7373686	SCN5A	3	38669265	G	393	0.99	0.19	9.7E-01	G	291	0.84	0.24	4.8E-01	G	280	1.12	0.23	6.2E-01
rs737865	COMT	22	18310121	G	393	1.08	0.15	6.3E-01	G	291	1.11	0.18	5.8E-01	G	280	1.09	0.18	6.4E-01
rs7403021	GABRG3	15	24798408	T	394	1.06	0.24	8.1E-01	T	292	1.13	0.30	6.7E-01	T	281	1.01	0.32	9.7E-01
rs740884	GABBR1	6	29682610	T	392	0.94	0.36	8.6E-01	T	291	0.83	0.45	6.8E-01	T	279	0.95	0.45	9.1E-01
rs741327	GRIN2B	12	13768808	A	394	0.74	0.16	6.7E-02	A	292	0.65	0.20	3.3E-02	A	281	0.88	0.20	5.1E-01
rs7418709	INADL	1	62352495	T	393	0.74	0.26	2.6E-01	T	292	0.73	0.32	3.1E-01	T	280	0.70	0.34	2.9E-01
rs742086	CYP2D6	22	40882197	G	394	0.72	0.15	3.3E-02	G	292	0.52	0.20	1.1E-03	G	281	0.94	0.19	7.3E-01
rs7430	PPP3CC	8	22454359	C	393	0.97	0.14	8.2E-01	C	291	1.05	0.17	8.0E-01	C	281	0.88	0.18	4.6E-01
rs7431144	SCN10A	3	38769272	C	394	1.00	0.24	1.0E+00	C	292	1.07	0.29	8.2E-01	C	281	1.01	0.31	9.7E-01
rs7434444	ADRA2C	4	3739867	C	388	1.41	0.17	3.6E-02	C	286	1.42	0.20	7.5E-02	C	275	1.26	0.20	2.5E-01
rs743507	NOS3	7	150338421	C	375	1.06	0.16	7.3E-01	C	281	1.02	0.20	9.1E-01	C	265	1.02	0.21	9.4E-01
rs743535	CYP2E1	10	135199357	A	393	1.39	0.23	1.5E-01	A	291	1.77	0.26	3.1E-02	A	280	1.10	0.29	7.5E-01
rs744893	EZR	6	159122228	C	394	1.08	0.16	6.2E-01	C	292	1.20	0.20	3.6E-01	C	281	1.03	0.21	9.0E-01
rs744993	NTRK3	15	86604269	A	394	0.85	0.20	4.3E-01	A	292	0.62	0.27	7.2E-02	A	281	1.07	0.23	7.8E-01
rs744994	NTRK3	15	86603939	A	393	0.76	0.15	6.8E-02	A	291	0.67	0.19	3.1E-02	A	281	0.87	0.18	4.5E-01
rs748008	GRIA4	11	105165230	T	388	0.78	0.15	1.1E-01	T	286	0.84	0.19	3.5E-01	T	277	0.76	0.19	1.5E-01
rs7492600	GCH1	14	54406625	T	394	1.16	0.22	5.1E-01	T	292	1.31	0.26	2.9E-01	T	281	0.99	0.28	9.6E-01
rs7499077	ITGAM	16	31225006	A	394	0.99	0.16	9.4E-01	A	292	0.85	0.19	4.0E-01	A	281	1.08	0.20	6.9E-01
rs7515976	PRKACB	1	84400331	T	394	0.85	0.15	2.7E-01	T	292	0.94	0.18	7.1E-01	T	281	0.78	0.18	1.8E-01
rs7516175	EPHB2	1	22969405	C	394	0.93	0.22	7.5E-01	C	292	0.98	0.26	9.3E-01	C	281	0.92	0.27	7.5E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs7519192	PLA2G4A	1	185129042	G	393	0.77	0.16	1.0E-01	G	291	0.69	0.20	6.4E-02	G	281	0.82	0.20	3.3E-01
rs752183	CACNA2D2	3	50511277	A	392	0.82	0.26	4.6E-01	A	290	0.97	0.31	9.2E-01	A	281	0.64	0.35	2.0E-01
rs752266	ADRA1B	5	159273610	G	394	0.87	0.27	6.0E-01	G	292	0.74	0.35	3.9E-01	G	281	1.12	0.32	7.2E-01
rs7523086	NGF	1	115624910	A	394	1.04	0.15	8.2E-01	A	292	1.08	0.18	6.7E-01	A	281	0.93	0.19	7.3E-01
rs7525979	NLRP3	1	245654031	T	394	1.11	0.33	7.4E-01	T	292	1.59	0.37	2.1E-01	T	281	0.77	0.46	5.7E-01
rs752688	GCH1	14	54381319	T	394	0.94	0.17	7.3E-01	T	292	0.94	0.21	7.8E-01	T	281	0.93	0.21	7.2E-01
rs7530478	EPHB2	1	23001303	G	394	0.77	0.26	3.1E-01	G	292	0.80	0.32	4.8E-01	G	281	0.82	0.33	5.5E-01
rs7535459	PLA2G4A	1	185069186	C	393	1.07	0.15	6.4E-01	C	291	1.08	0.18	6.6E-01	C	280	1.05	0.18	7.8E-01
rs753572	PRKCE	2	46055842	T	394	1.00	0.15	1.0E+00	T	292	1.05	0.19	8.0E-01	T	281	1.03	0.20	8.8E-01
rs7537937	GBP2	1	89355278	G	393	1.03	0.15	8.6E-01	G	291	0.94	0.18	7.3E-01	G	280	1.03	0.19	8.7E-01
rs754635	CCK	3	42280135	C	382	1.00	0.22	1.0E+00	C	284	1.05	0.26	8.5E-01	C	273	0.99	0.28	9.6E-01
rs7546625	PRKACB	1	84325194	A	394	1.13	0.19	5.1E-01	A	292	1.02	0.23	9.4E-01	A	281	1.27	0.23	3.1E-01
rs7547948	ATP1A1	1	116746405	A	394	1.00	0.48	1.0E+00	A	292	1.22	0.54	7.2E-01	A	281	0.66	0.68	5.5E-01
rs7551399	INADL	1	61979842	A	394	1.15	0.26	6.0E-01	A	292	0.91	0.34	7.7E-01	A	281	1.50	0.31	1.9E-01
rs755203	CHRNA4	20	61464708	G	394	1.08	0.15	6.1E-01	G	292	1.06	0.18	7.3E-01	G	281	1.08	0.18	6.7E-01
rs7555140	PLA2G4A	1	185184143	C	390	0.90	0.15	4.9E-01	C	289	0.75	0.19	1.3E-01	C	278	1.09	0.20	6.8E-01
rs7555821	GNG5	1	84730985	T	394	0.79	0.23	3.1E-01	T	292	0.89	0.27	6.6E-01	T	281	0.65	0.30	1.5E-01
rs7556832	ERBB4	2	213099751	C	393	1.04	0.14	7.9E-01	C	292	1.02	0.16	9.1E-01	C	280	1.08	0.18	6.9E-01
rs7560562	TRPM8	2	234576954	C	394	0.99	0.15	9.4E-01	C	292	1.05	0.18	7.9E-01	C	281	0.94	0.19	7.3E-01
rs756275	ADRA1B	5	159284038	T	394	0.91	0.25	7.1E-01	T	292	0.95	0.32	8.9E-01	T	281	1.01	0.31	9.7E-01
rs7567183	NTSR2	2	11728737	C	394	0.91	0.15	5.4E-01	C	292	0.88	0.19	5.0E-01	C	281	1.00	0.19	9.9E-01
rs757228	GPX4	19	1052992	G	392	1.12	0.14	4.3E-01	G	290	1.20	0.18	3.1E-01	G	280	1.15	0.18	4.6E-01
rs758275	TRPM8	2	234502759	G	394	0.82	0.18	2.5E-01	G	292	0.69	0.22	9.3E-02	G	281	0.98	0.22	9.4E-01
rs759170	EGFR	7	55122866	T	394	1.29	0.20	2.0E-01	T	292	1.34	0.23	2.1E-01	T	281	1.20	0.25	4.7E-01
rs759171	EGFR	7	55053706	A	394	1.69	0.22	1.6E-02	A	292	1.83	0.25	1.6E-02	A	281	1.49	0.27	1.3E-01
rs7593557	TRPM8	2	234528527	A	394	0.90	0.33	7.4E-01	A	292	1.11	0.39	7.9E-01	A	281	0.77	0.46	5.7E-01
rs7602850	ERBB4	2	212157069	T	394	0.94	0.21	7.5E-01	T	292	0.82	0.27	4.6E-01	T	281	1.04	0.26	8.9E-01
rs760370	SLC29A1	6	44308931	G	392	0.95	0.15	7.5E-01	G	291	0.93	0.18	6.8E-01	G	280	0.95	0.18	7.8E-01
rs7604219	HTR2B	2	231665568	A	394	1.09	0.15	5.9E-01	A	292	1.11	0.18	5.7E-01	A	281	1.04	0.19	8.4E-01
rs7618370	AIM	3	169391997	G	394	1.00	0.19	1.0E+00	G	292	0.96	0.23	8.6E-01	G	281	1.22	0.24	4.0E-01
rs762146	KCNJ6	21	38160002	C	393	1.11	0.17	5.3E-01	C	291	1.25	0.20	2.8E-01	C	281	1.09	0.20	6.8E-01
rs763317	EGFR	7	55062691	A	392	0.87	0.15	3.4E-01	A	290	0.96	0.18	8.1E-01	A	280	0.76	0.19	1.4E-01
rs7644369	EPHB1	3	136153214	T	394	0.97	0.15	8.3E-01	T	292	1.02	0.18	9.3E-01	T	281	0.88	0.18	5.0E-01
rs7644388	NFKBIZ	3	103039236	T	394	0.93	0.17	6.8E-01	T	292	0.78	0.21	2.4E-01	T	281	1.10	0.21	6.7E-01
rs7652280	EPHB3	3	185785328	T	394	0.92	0.18	6.5E-01	T	292	0.87	0.23	5.6E-01	T	281	1.01	0.23	9.5E-01
rs765287	GRIN2A	16	9783883	A	393	1.09	0.15	5.7E-01	A	291	1.17	0.18	3.6E-01	A	281	1.05	0.18	7.9E-01
rs7653075	EPHB3	3	185751048	C	394	1.20	0.18	3.2E-01	C	292	1.11	0.23	6.5E-01	C	281	1.32	0.22	2.1E-01
rs765724	RUNX2	6	45525096	T	394	0.93	0.15	6.1E-01	T	292	1.01	0.18	9.5E-01	T	281	0.87	0.19	4.4E-01
rs7662029	UGT2B7	4	69996501	G	394	0.96	0.14	7.7E-01	G	292	0.94	0.18	7.1E-01	G	281	1.02	0.18	9.1E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs7662298	GLRB	4	158307215	G	394	0.94	0.25	8.0E-01	G	292	0.93	0.31	8.2E-01	G	281	0.92	0.31	7.8E-01
rs7666487	GABRB1	4	46938494	G	393	0.89	0.16	4.8E-01	G	291	0.91	0.20	6.5E-01	G	280	0.85	0.21	4.4E-01
rs7668258	UGT2B7	4	69996667	C	392	0.95	0.14	7.3E-01	C	290	0.93	0.18	6.7E-01	C	279	1.01	0.18	9.5E-01
rs7672929	GLRB	4	158231766	A	393	1.28	0.16	1.2E-01	A	291	1.54	0.19	2.3E-02	A	280	1.05	0.20	8.2E-01
rs7677890	GABRB1	4	47066346	T	393	0.96	0.14	7.8E-01	T	291	1.06	0.17	7.5E-01	T	280	0.87	0.18	4.3E-01
rs7678338	GABRA4	4	46616864	C	394	0.93	0.16	6.3E-01	C	292	0.77	0.20	1.9E-01	C	281	1.12	0.20	5.9E-01
rs7678463	ADRA2C	4	3740750	C	384	0.57	0.21	8.1E-03	C	283	0.46	0.28	4.8E-03	C	274	0.70	0.26	1.6E-01
rs7687423	NPY1R	4	164470247	A	394	1.16	0.15	3.1E-01	A	292	1.18	0.17	3.5E-01	A	281	1.23	0.18	2.6E-01
rs7687621	EREG	4	75468690	T	391	0.88	0.17	4.3E-01	T	290	0.85	0.20	4.3E-01	T	279	0.80	0.21	2.8E-01
rs7692883	ADRA2C	4	3731921	A	394	0.90	0.23	6.5E-01	A	292	0.80	0.28	4.3E-01	A	281	0.92	0.28	7.5E-01
rs769393	GAD1	2	171417767	A	394	1.44	0.31	2.3E-01	A	292	1.47	0.38	3.1E-01	A	281	1.62	0.37	1.9E-01
rs769407	GAD1	2	171401954	C	394	1.07	0.16	6.8E-01	C	292	0.93	0.20	7.4E-01	C	281	1.29	0.20	2.1E-01
rs7696139	ADRA2C	4	3746046	G	394	0.58	0.17	1.8E-03	G	292	0.53	0.22	3.4E-03	G	281	0.60	0.22	1.9E-02
rs7704970	CAMK4	5	110594800	A	392	0.90	0.19	5.9E-01	A	290	1.03	0.22	8.9E-01	A	279	0.76	0.25	2.7E-01
rs7709656	GLRA1	5	151270918	A	394	0.92	0.19	6.4E-01	A	292	0.90	0.23	6.3E-01	A	281	0.90	0.24	6.7E-01
rs7709924	GRIA1	5	152946662	G	393	0.90	0.15	4.8E-01	G	292	0.93	0.19	6.9E-01	G	280	0.82	0.20	3.2E-01
rs7718461	CRHBP	5	76293804	G	394	0.86	0.14	3.1E-01	G	292	0.85	0.18	3.5E-01	G	281	0.94	0.18	7.5E-01
rs7719315	CSNK1A1	5	148898185	C	394	1.13	0.16	4.6E-01	C	292	1.14	0.19	5.1E-01	C	281	1.08	0.21	7.3E-01
rs7724086	GABRB2	5	160724214	T	394	0.88	0.26	6.1E-01	T	292	0.84	0.31	5.8E-01	T	281	0.88	0.33	6.9E-01
rs7728001	GABRG2	5	161482816	C	394	1.20	0.21	4.0E-01	C	292	1.06	0.26	8.1E-01	C	281	1.34	0.26	2.6E-01
rs7728708	ADRA1B	5	159287813	T	394	1.33	0.20	1.5E-01	T	292	1.21	0.24	4.2E-01	T	281	1.47	0.23	1.0E-01
rs7735784	GRIA1	5	153067976	C	394	0.82	0.15	1.7E-01	C	292	0.75	0.18	1.2E-01	C	281	0.87	0.19	4.4E-01
rs7737	ADORA3	1	111827675	T	394	1.16	0.16	3.7E-01	T	292	1.42	0.19	6.6E-02	T	281	0.92	0.21	6.9E-01
rs7738600	TAAR2	6	132972072	C	390	1.48	0.41	3.4E-01	C	289	1.66	0.48	2.9E-01	C	277	1.19	0.50	7.3E-01
rs7739525	OPRM1	6	154670772	A	394	0.65	0.22	5.1E-02	A	292	0.74	0.26	2.5E-01	A	281	0.47	0.31	1.5E-02
rs7748484	PACSN1	6	34563308	A	394	0.90	0.21	6.1E-01	A	292	0.82	0.26	4.3E-01	A	281	0.89	0.25	6.5E-01
rs7761118	MAPK14	6	36176281	A	394	0.87	0.24	5.5E-01	A	292	0.83	0.32	5.5E-01	A	281	1.14	0.30	6.6E-01
rs7761846	ESR1	6	152254201	C	394	0.97	0.26	9.0E-01	C	292	0.92	0.32	8.0E-01	C	281	1.05	0.32	8.8E-01
rs7770466	GRM1	6	146800958	G	394	1.12	0.47	8.1E-01	G	292	1.62	0.53	3.6E-01	G	281	0.75	0.69	6.8E-01
rs7772928	TAAR5	6	132958482	A	394	0.86	0.28	5.8E-01	A	292	0.96	0.33	9.0E-01	A	281	0.72	0.37	3.7E-01
rs7776341	OPRM1	6	154390298	C	394	0.57	0.35	1.0E-01	C	292	0.38	0.50	5.5E-02	C	281	0.71	0.41	4.0E-01
rs7787082	ABCB1	7	86994987	A	394	0.96	0.19	8.5E-01	A	292	0.86	0.24	5.4E-01	A	281	1.03	0.24	8.9E-01
rs778819	GRIA1	5	152949443	C	394	0.96	0.16	8.1E-01	C	292	0.86	0.20	4.6E-01	C	281	1.08	0.20	7.2E-01
rs77905	DBH	9	135507918	A	393	0.92	0.15	5.6E-01	A	292	0.92	0.18	6.4E-01	A	280	0.96	0.18	8.1E-01
rs7794797	CACNA2D1	7	81812061	G	394	0.82	0.15	1.9E-01	G	292	0.86	0.19	4.0E-01	G	281	0.79	0.20	2.5E-01
rs7797314	CACNA2D1	7	81494002	G	394	1.02	0.19	9.2E-01	G	292	1.07	0.22	7.8E-01	G	281	1.03	0.24	8.9E-01
rs7800170	CHRM2	7	136274860	A	394	0.79	0.15	9.9E-02	A	292	0.89	0.17	5.1E-01	A	281	0.68	0.18	3.6E-02
rs7817	IFRD1	7	111902894	C	394	1.28	0.15	9.3E-02	C	292	1.30	0.18	1.4E-01	C	281	1.34	0.18	1.2E-01
rs7817710	OPRK1	8	54305368	T	394	0.89	0.24	6.3E-01	T	292	0.99	0.28	9.8E-01	T	281	0.74	0.32	3.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs7819063	NRG1	8	31618950	T	394	1.17	0.17	3.6E-01	T	292	1.23	0.20	3.0E-01	T	281	1.16	0.21	4.8E-01
rs7820807	OPRK1	8	54301414	C	394	0.95	0.23	8.2E-01	C	292	1.04	0.27	8.9E-01	C	281	0.80	0.30	4.6E-01
rs7821470	PPP3CC	8	22361446	C	394	1.15	0.30	6.5E-01	C	292	1.22	0.36	5.8E-01	C	281	1.06	0.38	8.7E-01
rs7825480	PNOC	8	28234932	G	390	0.94	0.20	7.6E-01	G	291	1.13	0.24	6.1E-01	G	278	0.84	0.28	5.3E-01
rs7835853	ADRA1A	8	26718163	T	394	0.84	0.18	3.6E-01	T	292	0.78	0.23	2.9E-01	T	281	0.93	0.22	7.5E-01
rs7842829	ADRA1A	8	26685253	C	393	0.93	0.15	6.1E-01	C	291	0.85	0.18	3.7E-01	C	280	1.00	0.19	9.9E-01
rs7869402	TLR4	9	119517853	T	393	0.51	0.45	1.4E-01	T	291	0.58	0.53	3.0E-01	T	280	0.38	0.65	1.4E-01
rs7869482	GABBR2	9	100444170	A	394	1.25	0.34	5.1E-01	A	292	1.70	0.38	1.6E-01	A	281	0.82	0.47	6.7E-01
rs7877036	GLRA2	23	14537065	C	389	0.99	0.15	9.6E-01	C	289	1.13	0.17	4.7E-01	C	276	0.88	0.19	4.9E-01
rs7889706	GLRA2	23	14495054	C	394	1.08	0.15	6.0E-01	C	292	0.95	0.18	7.5E-01	C	281	1.37	0.19	9.5E-02
rs7897669	PRKG1	10	52547957	A	389	0.55	0.21	4.8E-03	A	288	0.58	0.26	3.4E-02	A	277	0.51	0.28	1.6E-02
rs7900976	GAD2	10	26604439	G	394	0.92	0.19	6.4E-01	G	292	0.99	0.22	9.6E-01	G	281	0.83	0.24	4.3E-01
rs790250	OPRM1	6	154572694	C	392	1.34	0.16	6.4E-02	C	290	1.57	0.19	1.6E-02	C	279	1.19	0.20	3.8E-01
rs790260	OPRM1	6	154580105	T	394	1.10	0.14	4.9E-01	T	292	1.27	0.16	1.4E-01	T	281	0.92	0.18	6.3E-01
rs7911	GBP1	1	89290708	G	392	1.19	0.15	2.6E-01	G	290	1.29	0.18	1.6E-01	G	280	0.97	0.19	8.8E-01
rs7921462	CPN1	10	101833130	C	392	0.96	0.30	8.8E-01	C	290	0.65	0.40	2.8E-01	C	280	1.22	0.33	5.6E-01
rs7922090	CHUK	10	101965259	A	392	1.05	0.31	8.8E-01	A	290	1.05	0.37	9.0E-01	A	280	1.06	0.38	8.9E-01
rs7924416	KCNJ5	11	128269390	T	391	0.94	0.15	6.8E-01	T	290	0.97	0.19	8.5E-01	T	279	0.92	0.20	6.9E-01
rs7931588	GRIA4	11	105098753	A	393	0.92	0.14	5.7E-01	A	291	1.04	0.18	8.5E-01	A	280	0.84	0.18	3.4E-01
rs7932809	AIM	11	121171910	C	394	0.78	0.15	8.2E-02	C	292	0.74	0.18	9.0E-02	C	281	0.77	0.19	1.6E-01
rs7942396	SC5DL	11	120684759	T	394	1.73	0.28	4.8E-02	T	292	1.67	0.33	1.1E-01	T	281	1.84	0.34	7.4E-02
rs7950368	MRGPRD	11	68503377	A	394	1.08	0.16	6.4E-01	A	292	1.05	0.19	8.0E-01	A	281	1.09	0.20	6.4E-01
rs7952915	GRIN2B	12	13924127	G	394	0.95	0.18	7.9E-01	G	292	1.27	0.21	2.6E-01	G	281	0.68	0.24	1.1E-01
rs7956547	IGF1	12	101382946	C	389	0.73	0.16	5.9E-02	C	289	0.68	0.20	5.4E-02	C	277	0.77	0.20	1.9E-01
rs7975319	SCN8A	12	50267960	T	394	0.83	0.27	5.0E-01	T	292	0.66	0.36	2.6E-01	T	281	0.98	0.33	9.4E-01
rs797765	SLC6A13	12	242699	A	394	0.80	0.17	1.9E-01	A	292	0.82	0.20	3.2E-01	A	281	0.81	0.21	3.0E-01
rs7983579	EFNB2	13	105957447	G	394	0.88	0.14	3.5E-01	G	292	0.91	0.17	5.9E-01	G	281	0.85	0.18	3.7E-01
rs8000078	EFNB2	13	105977975	T	393	0.67	0.15	7.0E-03	T	291	0.60	0.18	5.5E-03	T	280	0.72	0.19	7.7E-02
rs8001826	EFNB2	13	105958958	C	393	0.84	0.21	4.0E-01	C	291	0.81	0.26	4.1E-01	C	280	0.90	0.26	6.9E-01
rs8005745	HIF1A	14	61255048	T	394	1.03	0.24	9.0E-01	T	292	1.00	0.29	1.0E+00	T	281	1.08	0.30	8.1E-01
rs8005905	HSPCA	14	101638120	T	394	1.12	0.23	6.4E-01	T	292	1.15	0.28	6.3E-01	T	281	1.04	0.29	8.9E-01
rs8006174	DDX24	14	93622082	G	394	0.86	0.19	4.4E-01	G	292	1.05	0.23	8.2E-01	G	281	0.76	0.25	2.8E-01
rs8007201	GCH1	14	54394598	G	394	0.92	0.15	5.6E-01	G	292	0.82	0.18	2.8E-01	G	281	1.03	0.18	8.9E-01
rs8007267	GCH1	14	54448741	T	394	0.88	0.18	4.7E-01	T	292	0.83	0.23	4.0E-01	T	281	0.92	0.22	7.0E-01
rs8012335	PRKD1	14	29146484	G	393	0.92	0.15	5.9E-01	G	291	0.96	0.19	8.4E-01	G	281	0.84	0.20	3.9E-01
rs8016905	BDKRB2	14	95745686	A	394	0.80	0.16	1.8E-01	A	292	0.83	0.19	3.3E-01	A	281	0.82	0.20	3.2E-01
rs8017441	ESR2	14	63785547	G	393	0.79	0.27	3.7E-01	G	291	0.87	0.32	6.6E-01	G	281	0.72	0.35	3.4E-01
rs8030094	CHRM5	15	32124174	A	394	1.05	0.18	7.8E-01	A	292	1.06	0.22	8.1E-01	A	281	1.08	0.22	7.3E-01
rs8031	SOD2	6	160020630	T	394	1.09	0.14	5.3E-01	T	292	0.98	0.17	9.1E-01	T	281	1.25	0.17	1.9E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs8031871	NTRK3	15	86294012	T	394	0.96	0.14	7.8E-01	T	292	0.87	0.17	4.4E-01	T	281	1.06	0.18	7.4E-01
rs8036023	MAP2K1	15	64518339	C	394	1.05	0.15	7.6E-01	C	292	0.93	0.18	7.0E-01	C	281	1.15	0.18	4.4E-01
rs8036052	GABRB3	15	24391538	C	394	0.90	0.23	6.4E-01	C	292	0.87	0.28	6.2E-01	C	281	0.93	0.30	8.0E-01
rs8044794	VPS4A	16	67905200	G	391	0.97	0.16	8.5E-01	G	291	0.95	0.19	8.0E-01	G	278	1.11	0.20	5.9E-01
rs8048583	ITGAM	16	31187037	T	394	1.08	0.16	6.3E-01	T	292	1.11	0.19	5.8E-01	T	281	1.03	0.20	8.8E-01
rs8052800	GRIN2A	16	10040290	C	394	0.90	0.14	4.4E-01	C	292	0.89	0.17	4.9E-01	C	281	0.93	0.18	6.7E-01
rs8057320	ITGAM	16	31177052	C	394	1.01	0.16	9.4E-01	C	292	1.07	0.20	7.2E-01	C	281	0.95	0.20	7.9E-01
rs806368	CNR1	6	88906819	C	393	0.92	0.17	6.3E-01	C	291	0.78	0.22	2.5E-01	C	281	1.12	0.21	5.8E-01
rs806378	CNR1	6	88916270	T	394	1.01	0.16	9.4E-01	T	292	0.83	0.20	3.6E-01	T	281	1.15	0.19	4.7E-01
rs806381	CNR1	6	88922620	G	392	1.08	0.15	6.0E-01	G	290	0.91	0.19	6.3E-01	G	280	1.16	0.19	4.3E-01
rs8065080	TRPV1	17	3427196	C	394	1.07	0.15	6.5E-01	C	292	1.11	0.18	5.8E-01	C	281	0.99	0.19	9.7E-01
rs8066276	ACE	17	58942997	T	394	1.08	0.15	6.1E-01	T	292	1.02	0.18	9.3E-01	T	281	1.22	0.19	2.8E-01
rs8069909	ACCN1	17	28529083	T	394	1.05	0.31	8.8E-01	T	292	0.80	0.42	5.9E-01	T	281	1.62	0.37	1.9E-01
rs8072199	NOS2A	17	23140975	T	394	1.07	0.15	6.6E-01	T	292	1.06	0.18	7.6E-01	T	281	1.11	0.19	5.8E-01
rs8075808	CCL3	17	31433897	C	392	0.89	0.15	4.3E-01	C	290	0.81	0.18	2.7E-01	C	279	0.95	0.19	8.0E-01
rs8079006	MPO	17	53701468	A	390	1.03	0.20	8.7E-01	A	290	1.02	0.26	9.5E-01	A	278	1.03	0.25	9.1E-01
rs8079271	TRPV2	17	16263089	G	394	0.93	0.15	6.5E-01	G	292	1.07	0.18	7.2E-01	G	281	0.80	0.20	2.6E-01
rs8081248	NOS2A	17	23106091	A	393	1.15	0.15	3.4E-01	A	291	1.20	0.18	3.2E-01	A	280	1.17	0.19	3.9E-01
rs8086	ACSL1	4	185914415	T	393	0.96	0.16	7.8E-01	T	291	1.06	0.19	7.6E-01	T	280	0.78	0.20	2.3E-01
rs8100819	PRKACA	19	14088601	A	393	0.86	0.23	5.1E-01	A	292	0.84	0.28	5.5E-01	A	280	0.92	0.28	7.8E-01
rs8103699	CACNA1A	19	13225012	T	394	0.98	0.16	8.8E-01	T	292	1.02	0.19	9.2E-01	T	281	0.98	0.19	9.0E-01
rs8109003	CACNA1A	19	13379462	T	394	1.09	0.15	5.5E-01	T	292	1.09	0.18	6.3E-01	T	281	1.12	0.19	5.5E-01
rs81189	CRHR1	17	41250579	C	391	0.98	0.14	8.9E-01	C	290	0.97	0.17	8.3E-01	C	278	0.94	0.18	7.3E-01
rs8121	TRPV2	17	16266693	G	394	1.18	0.15	2.7E-01	G	292	1.22	0.18	2.7E-01	G	281	1.21	0.18	3.1E-01
rs8136867	MAPK1	22	20534793	G	392	0.85	0.14	2.3E-01	G	291	1.02	0.17	9.1E-01	G	280	0.66	0.18	2.2E-02
rs815608	AIM	5	153496967	G	393	0.87	0.14	3.3E-01	G	291	0.87	0.17	4.2E-01	G	280	0.82	0.18	2.7E-01
rs815802	CALM2	2	47245553	G	394	1.83	0.25	1.7E-02	G	292	2.39	0.29	2.2E-03	G	281	1.36	0.35	3.8E-01
rs815815	CALM2	2	47252568	C	393	1.41	0.23	1.3E-01	C	291	1.91	0.26	1.2E-02	C	280	0.91	0.32	7.7E-01
rs816353	NOS1	12	116169163	T	394	1.00	0.15	1.0E+00	T	292	1.28	0.17	1.5E-01	T	281	0.71	0.19	6.4E-02
rs8179390	PTGER3	1	71266953	G	392	1.06	0.15	7.1E-01	G	290	0.92	0.18	6.5E-01	G	280	1.30	0.19	1.6E-01
rs8190800	GAD2	10	26630322	T	394	1.07	0.26	8.0E-01	T	292	1.32	0.30	3.4E-01	T	281	0.76	0.36	4.5E-01
rs8191992	CHRM2	7	136351848	T	393	1.27	0.16	1.2E-01	T	291	1.21	0.18	2.9E-01	T	280	1.32	0.20	1.5E-01
rs8192503	DBI	2	119842159	T	394	0.77	0.17	1.3E-01	T	292	0.62	0.23	3.3E-02	T	281	0.92	0.21	6.8E-01
rs8192506	DBI	2	119846311	G	394	0.60	0.46	2.7E-01	G	292	0.54	0.59	2.9E-01	G	281	0.61	0.59	3.9E-01
rs8192619	TAAR1	6	133008041	A	394	1.84	0.38	1.1E-01	A	292	1.91	0.43	1.3E-01	A	281	1.57	0.46	3.3E-01
rs8192620	TAAR1	6	133007972	C	394	1.20	0.17	2.8E-01	C	292	1.13	0.21	5.5E-01	C	281	1.34	0.20	1.4E-01
rs8192622	TAAR6	6	132933231	T	394	0.70	0.38	3.5E-01	T	292	0.48	0.52	1.6E-01	T	281	0.89	0.45	7.9E-01
rs8192624	TAAR6	6	132933946	A	388	0.78	0.28	3.6E-01	A	286	0.73	0.34	3.6E-01	A	276	0.74	0.36	4.0E-01
rs8192625	TAAR6	6	132934025	A	394	0.76	0.30	3.7E-01	A	292	0.61	0.40	2.1E-01	A	281	0.85	0.36	6.6E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs8192627	TAAR8	6	132916507	C	394	1.38	0.31	2.9E-01	C	292	1.10	0.39	8.1E-01	C	281	1.57	0.36	2.1E-01
rs8192646	TAAR2	6	132980535	T	394	0.54	0.57	2.8E-01	T	292	0.67	0.69	5.6E-01	T	281	0.49	0.80	3.8E-01
rs8192658	ATF3	1	210855190	T	389	0.83	0.44	6.7E-01	T	289	0.90	0.52	8.3E-01	T	277	0.67	0.59	4.9E-01
rs829064	KCNJ8	12	21831775	C	394	1.30	0.19	1.7E-01	C	292	1.53	0.23	5.9E-02	C	281	1.11	0.23	6.5E-01
rs833061	VEGFA	6	43845464	C	394	0.92	0.14	5.7E-01	C	292	0.89	0.17	5.0E-01	C	281	0.98	0.18	9.0E-01
rs833069	VEGFA	6	43850557	C	394	1.03	0.16	8.7E-01	C	292	1.07	0.19	7.2E-01	C	281	0.99	0.20	9.6E-01
rs835873	ADRA1D	20	4150802	A	388	1.17	0.22	4.8E-01	A	287	1.29	0.25	3.1E-01	A	276	0.95	0.29	8.5E-01
rs835880	ADRA1D	20	4156895	G	391	1.18	0.17	3.3E-01	G	290	1.32	0.20	1.7E-01	G	278	0.98	0.21	9.4E-01
rs844395	GRIN2A	16	10010407	T	394	0.93	0.14	6.2E-01	T	292	0.99	0.17	9.4E-01	T	281	0.85	0.18	3.6E-01
rs845552	EGFR	7	55213001	G	394	0.94	0.15	6.6E-01	G	292	0.82	0.18	2.5E-01	G	281	1.02	0.18	9.0E-01
rs850602	ATP1A1	1	116722475	G	394	1.21	0.17	2.5E-01	G	292	1.37	0.19	1.0E-01	G	281	0.97	0.21	8.8E-01
rs851006	MAPK14	6	36173163	T	394	1.18	0.17	3.2E-01	T	292	1.33	0.20	1.6E-01	T	281	0.95	0.22	8.2E-01
rs851024	MAPK14	6	36107542	C	394	0.86	0.14	2.8E-01	C	292	0.83	0.18	2.9E-01	C	281	0.88	0.18	4.9E-01
rs856934	NTSR1	20	60854488	G	393	0.79	0.19	2.2E-01	G	291	0.76	0.24	2.5E-01	G	281	0.83	0.25	4.5E-01
rs858027	KCNJ6	21	38026050	A	394	1.26	0.24	3.4E-01	A	292	1.22	0.29	5.0E-01	A	281	1.28	0.30	4.0E-01
rs858040	KCNJ6	21	38018543	G	394	1.01	0.16	9.3E-01	G	292	1.19	0.20	4.0E-01	G	281	0.90	0.20	5.9E-01
rs860859	CALCRL	2	187917954	A	394	0.87	0.15	3.3E-01	A	292	0.79	0.18	1.9E-01	A	281	0.98	0.18	9.2E-01
rs863820	GRM1	6	146389095	G	393	1.01	0.15	9.3E-01	G	291	0.93	0.18	6.9E-01	G	280	1.11	0.18	5.9E-01
rs867755	GRK6	5	176790655	T	392	1.30	0.15	7.3E-02	T	291	1.28	0.18	1.6E-01	T	280	1.27	0.18	1.9E-01
rs8682	RAB5A	3	20001413	G	393	0.82	0.22	3.6E-01	G	291	0.64	0.28	1.1E-01	G	280	1.06	0.27	8.3E-01
rs8684	MAP2K1	15	64570664	A	394	1.17	0.28	5.7E-01	A	292	1.29	0.33	4.4E-01	A	281	0.93	0.36	8.4E-01
rs869185	KCNIP3	2	95387883	A	394	1.04	0.20	8.4E-01	A	292	0.91	0.25	7.1E-01	A	281	1.26	0.24	3.4E-01
rs871196	GRK5	10	121059064	G	394	1.04	0.15	8.2E-01	G	292	1.12	0.18	5.5E-01	G	281	0.93	0.19	7.2E-01
rs872331	CRYAA	21	43462284	C	387	0.87	0.15	3.6E-01	C	289	0.82	0.18	2.6E-01	C	275	0.99	0.19	9.5E-01
rs873593	CAMK2A	5	149649664	T	394	0.83	0.27	5.0E-01	T	292	1.05	0.31	8.8E-01	T	281	0.57	0.39	1.4E-01
rs876685	EPHB2	1	22945007	G	394	0.83	0.23	4.2E-01	G	292	1.05	0.26	8.5E-01	G	281	0.56	0.33	7.7E-02
rs877172	OXT	20	2997890	G	393	1.05	0.16	7.8E-01	G	291	1.14	0.19	4.9E-01	G	281	0.99	0.20	9.6E-01
rs878567	HTR1A	5	63291747	A	394	0.90	0.14	4.8E-01	A	292	0.95	0.17	7.7E-01	A	281	0.82	0.18	2.6E-01
rs879096	ADRB2	5	148177622	C	394	0.91	0.18	5.9E-01	C	292	0.72	0.24	1.8E-01	C	281	1.17	0.22	4.7E-01
rs880028	DDC	7	50537630	G	394	0.91	0.19	6.3E-01	G	292	1.03	0.22	9.1E-01	G	281	0.78	0.25	3.2E-01
rs881	TACR1	2	75129937	G	394	0.73	0.19	9.4E-02	G	292	0.69	0.23	1.1E-01	G	281	0.77	0.24	2.7E-01
rs881827	S100B	21	46844296	A	394	0.68	0.16	1.8E-02	A	292	0.67	0.20	4.5E-02	A	281	0.66	0.21	4.6E-02
rs8836	GALR2	17	71589092	G	389	1.11	0.14	4.8E-01	G	287	1.25	0.18	2.0E-01	G	279	0.94	0.18	7.2E-01
rs884225	EGFR	7	55241578	C	394	1.06	0.24	8.1E-01	C	292	1.38	0.26	2.2E-01	C	281	0.61	0.35	1.5E-01
rs885820	BDKRB2	14	95774977	A	394	0.46	0.30	9.5E-03	A	292	0.48	0.39	5.4E-02	A	281	0.53	0.39	1.0E-01
rs888709	GNB2L1	5	180605834	G	393	1.21	0.17	2.6E-01	G	292	1.22	0.21	3.4E-01	G	280	1.29	0.21	2.3E-01
rs889548	AIM	16	31045213	T	393	0.77	0.15	7.8E-02	T	291	0.70	0.18	4.9E-02	T	281	0.86	0.18	4.2E-01
rs893964	EPHB2	1	22958683	T	394	1.27	0.18	1.8E-01	T	292	1.27	0.21	2.6E-01	T	281	1.26	0.23	3.2E-01
rs899173	PRKACA	19	14094734	T	394	0.88	0.23	5.7E-01	T	292	0.84	0.28	5.5E-01	T	281	0.91	0.28	7.4E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs9005	IL1RN	2	113607883	A	393	0.92	0.14	5.8E-01	A	291	0.87	0.18	4.3E-01	A	280	1.02	0.18	9.2E-01
rs9025	ADORA3	1	111827721	A	394	1.53	0.19	2.3E-02	A	292	1.81	0.22	6.7E-03	A	281	1.27	0.23	3.1E-01
rs903263	PRKACB	1	84395101	G	394	0.84	0.15	2.4E-01	G	292	0.92	0.18	6.3E-01	G	281	0.78	0.18	1.8E-01
rs904053	PNOC	8	28258855	C	392	1.16	0.16	3.5E-01	C	290	1.23	0.19	2.7E-01	C	280	1.06	0.19	7.7E-01
rs906895	CCKBR	11	6236824	C	394	1.11	0.14	4.5E-01	C	292	1.16	0.17	3.9E-01	C	281	1.05	0.17	7.8E-01
rs907893	MAP2K1	15	64468081	G	394	1.06	0.16	7.0E-01	G	292	0.95	0.19	8.1E-01	G	281	1.16	0.19	4.4E-01
rs908867	BDNF	11	27702340	T	394	1.45	0.26	1.6E-01	T	292	1.32	0.31	3.7E-01	T	281	1.44	0.32	2.5E-01
rs909172	ZFAND5	9	74167800	A	394	1.14	0.14	3.6E-01	A	292	1.28	0.17	1.5E-01	A	281	1.03	0.17	8.8E-01
rs909525	MAOA	23	43438146	C	393	1.13	0.15	4.3E-01	C	291	1.21	0.19	3.1E-01	C	280	0.98	0.19	9.3E-01
rs910330	NGF	1	115637023	T	393	0.86	0.16	3.6E-01	T	291	0.86	0.20	4.5E-01	T	280	0.93	0.20	7.1E-01
rs913168	FAAH	1	46631163	C	392	0.89	0.15	4.5E-01	C	290	0.97	0.18	8.5E-01	C	281	0.83	0.18	3.0E-01
rs915120	GRK5	10	121180103	C	394	1.13	0.14	3.9E-01	C	292	1.34	0.18	9.3E-02	C	281	0.95	0.18	7.9E-01
rs915906	CYP2E1	10	135193728	C	394	1.27	0.19	2.1E-01	C	292	1.53	0.23	6.2E-02	C	281	0.99	0.25	9.7E-01
rs917834	GRIN2A	16	9868380	C	394	1.05	0.15	7.6E-01	C	292	1.08	0.19	6.9E-01	C	281	1.05	0.19	7.8E-01
rs918168	GRIN2B	12	13969901	T	394	1.06	0.16	7.0E-01	T	292	1.15	0.18	4.3E-01	T	281	0.91	0.20	6.4E-01
rs919334	CAMK4	5	110581301	G	394	1.02	0.15	8.8E-01	G	292	0.90	0.19	5.7E-01	G	281	1.21	0.19	3.3E-01
rs919740	CAMK2A	5	149646042	G	393	1.19	0.17	3.0E-01	G	291	1.03	0.21	8.9E-01	G	281	1.44	0.20	6.8E-02
rs919741	CAMK2A	5	149591881	T	394	0.89	0.17	5.0E-01	T	292	0.84	0.21	4.0E-01	T	281	0.93	0.21	7.2E-01
rs923	ADORA3	1	111843906	G	394	1.20	0.18	3.1E-01	G	292	1.02	0.23	9.3E-01	G	281	1.52	0.22	6.1E-02
rs923198	EZR	6	159166705	T	392	0.92	0.14	5.7E-01	T	290	0.96	0.18	8.1E-01	T	280	0.91	0.17	6.0E-01
rs925101	TRPV3	17	3371257	C	394	0.94	0.15	6.6E-01	C	292	0.93	0.18	6.9E-01	C	281	0.98	0.18	9.0E-01
rs925453	KLKB1	4	187416204	T	394	0.73	0.16	5.6E-02	T	292	0.80	0.20	2.7E-01	T	281	0.73	0.20	1.2E-01
rs927544	HTR2A	13	46354052	G	394	1.00	0.16	1.0E+00	G	292	0.83	0.20	3.4E-01	G	281	1.10	0.20	6.4E-01
rs928197	GAD2	10	26629631	A	394	0.93	0.19	7.0E-01	A	292	0.99	0.23	9.7E-01	A	281	0.86	0.24	5.2E-01
rs9282564	ABCB1	7	87067376	C	394	0.80	0.22	3.2E-01	C	292	0.63	0.30	1.2E-01	C	281	1.04	0.26	8.9E-01
rs928765	KCNJ6	21	38173472	T	393	0.96	0.15	8.0E-01	T	291	0.96	0.18	8.3E-01	T	281	1.04	0.19	8.4E-01
rs928766	KCNJ6	21	38191145	G	393	1.30	0.18	1.6E-01	G	291	1.33	0.22	2.1E-01	G	280	1.35	0.23	2.0E-01
rs9288452	ERBB4	2	212895796	A	393	1.26	0.22	2.9E-01	A	292	1.12	0.27	6.7E-01	A	281	1.32	0.27	2.9E-01
rs9288993	DRD3	3	115341863	G	394	0.74	0.55	5.9E-01	G	292	0.67	0.69	5.6E-01	G	281	0.75	0.69	6.8E-01
rs929416	CACNA2D1	7	81781871	G	386	0.86	0.16	3.7E-01	G	285	0.82	0.20	3.3E-01	G	276	0.95	0.20	7.9E-01
rs9301140	EFNB2	13	105950970	C	394	1.00	0.21	1.0E+00	C	292	1.02	0.25	9.3E-01	C	281	1.01	0.26	9.7E-01
rs9301143	EFNB2	13	105989083	T	393	0.71	0.15	2.8E-02	T	291	0.65	0.19	2.1E-02	T	281	0.75	0.19	1.3E-01
rs930653	PPP3R1	2	68317775	A	394	1.11	0.15	5.0E-01	A	292	0.99	0.18	9.8E-01	A	281	1.24	0.19	2.5E-01
rs9316233	HTR2A	13	46331356	G	394	0.49	0.19	3.0E-04	G	292	0.56	0.23	1.3E-02	G	281	0.42	0.27	1.0E-03
rs9318	PRKD3	2	37331418	G	393	1.07	0.20	7.4E-01	G	291	0.69	0.27	1.6E-01	G	281	1.47	0.23	1.0E-01
rs9318026	AIM	13	71204246	T	394	0.55	0.23	1.0E-02	T	292	0.44	0.31	7.5E-03	T	281	0.66	0.29	1.4E-01
rs9322045	GRM1	6	146426643	G	394	1.01	0.15	9.4E-01	G	292	0.93	0.18	6.8E-01	G	281	1.10	0.18	6.0E-01
rs9322446	OPRM1	6	154450395	A	394	1.53	0.21	4.2E-02	A	292	1.38	0.25	1.9E-01	A	281	1.80	0.26	2.4E-02
rs932476	PLA2G4A	1	185200178	G	394	0.82	0.15	2.0E-01	G	292	0.82	0.18	2.6E-01	G	281	0.79	0.19	2.0E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs9324916	NR3C1	5	142702853	C	394	1.10	0.18	6.0E-01	C	292	1.16	0.21	4.7E-01	C	281	1.00	0.22	9.9E-01
rs9324918	NR3C1	5	142747353	C	393	0.55	0.20	2.5E-03	C	291	0.42	0.27	1.5E-03	C	281	0.68	0.24	1.2E-01
rs9324924	NR3C1	5	142772677	T	394	0.79	0.15	1.2E-01	T	292	0.74	0.18	9.7E-02	T	281	0.89	0.19	5.2E-01
rs9326052	INADL	1	62129178	G	392	0.99	0.15	9.6E-01	G	290	1.12	0.18	5.2E-01	G	281	0.88	0.19	5.0E-01
rs932816	FAAH	1	46632336	A	393	0.98	0.16	9.1E-01	A	292	1.08	0.19	7.1E-01	A	280	0.84	0.21	4.2E-01
rs9332242	CYP2C9	10	96738883	G	394	1.26	0.21	2.6E-01	G	292	1.17	0.26	5.5E-01	G	281	1.43	0.25	1.5E-01
rs9332381	COMT	22	18336553	G	394	1.59	0.40	2.5E-01	G	292	1.08	0.50	8.8E-01	G	281	1.99	0.45	1.2E-01
rs9340820	ESR1	6	152217518	G	392	0.84	0.61	7.7E-01	G	291	0.30	1.09	2.6E-01	G	280	1.38	0.66	6.3E-01
rs9340835	ESR1	6	152241624	A	394	1.24	0.15	1.5E-01	A	292	1.26	0.18	2.1E-01	A	281	1.19	0.19	3.6E-01
rs9340954	ESR1	6	152361865	G	394	0.81	0.16	2.0E-01	G	292	0.75	0.20	1.4E-01	G	281	0.82	0.20	3.1E-01
rs9344757	CNR1	6	88936647	T	394	1.11	0.15	4.9E-01	T	292	1.29	0.19	1.7E-01	T	281	0.99	0.20	9.5E-01
rs9347258	EZR	6	159153031	T	392	0.90	0.14	4.4E-01	T	290	0.91	0.18	6.0E-01	T	279	0.90	0.18	5.6E-01
rs934778	POMC	2	25242728	G	392	1.24	0.15	1.5E-01	G	290	1.42	0.18	4.9E-02	G	281	1.02	0.19	9.4E-01
rs935112	CCK	3	42286496	A	393	1.15	0.22	5.2E-01	A	291	1.23	0.26	4.3E-01	A	280	1.11	0.28	6.9E-01
rs935661	PRKCE	2	45908861	T	394	1.18	0.14	2.4E-01	T	292	1.11	0.17	5.4E-01	T	281	1.26	0.17	1.8E-01
rs9373486	GRM1	6	146487717	C	393	1.08	0.15	6.0E-01	C	291	0.98	0.18	9.1E-01	C	280	1.14	0.18	4.7E-01
rs9375907	TAAR1	6	133007736	T	392	1.20	0.17	2.8E-01	T	290	1.12	0.21	5.7E-01	T	280	1.35	0.20	1.3E-01
rs9386147	GRM1	6	146558230	T	394	1.10	0.16	5.7E-01	T	292	1.11	0.19	6.0E-01	T	281	1.05	0.21	8.3E-01
rs9388989	AIM	6	132739275	A	394	1.11	0.17	5.4E-01	A	292	1.25	0.21	2.9E-01	A	281	1.05	0.23	8.3E-01
rs9389004	TAAR9	6	132901953	A	394	0.87	0.38	7.0E-01	A	292	0.78	0.47	5.9E-01	A	281	0.88	0.47	7.8E-01
rs9389009	TAAR5	6	132957624	A	394	1.02	0.14	8.9E-01	A	292	0.93	0.17	6.7E-01	A	281	1.06	0.18	7.3E-01
rs9402439	TAAR1	6	133009295	G	394	0.87	0.14	3.5E-01	G	292	1.07	0.17	6.9E-01	G	281	0.66	0.19	2.8E-02
rs9403765	GRM1	6	146409734	G	393	1.01	0.15	9.3E-01	G	291	0.93	0.18	6.9E-01	G	280	1.11	0.18	5.9E-01
rs9403775	GRM1	6	146728202	T	394	1.10	0.22	6.6E-01	T	292	0.81	0.28	4.6E-01	T	281	1.46	0.26	1.4E-01
rs9414806	PRKG1	10	52506162	T	394	1.07	0.17	6.7E-01	T	292	1.16	0.21	4.7E-01	T	281	1.03	0.22	9.0E-01
rs9415743	PRKG1	10	52589115	C	394	1.18	0.41	6.9E-01	C	292	1.89	0.47	1.7E-01	C	281	0.80	0.61	7.1E-01
rs9424339	CNR2	1	24110549	A	394	1.28	0.18	1.8E-01	A	292	1.18	0.23	4.9E-01	A	281	1.33	0.21	1.8E-01
rs9438876	RUNX3	1	25113703	A	383	1.03	0.15	8.7E-01	A	283	0.85	0.18	3.7E-01	A	272	1.20	0.19	3.4E-01
rs944461	ESR2	14	63774893	C	393	0.91	0.41	8.3E-01	C	291	1.55	0.45	3.3E-01	C	280	0.32	0.77	1.4E-01
rs945039	BDKRB2	14	95753951	A	392	1.00	0.17	1.0E+00	A	290	1.21	0.20	3.3E-01	A	279	0.85	0.22	4.7E-01
rs946188	ADRA1D	20	4163316	G	394	0.80	0.16	1.7E-01	G	292	0.63	0.21	2.8E-02	G	281	0.98	0.20	9.0E-01
rs9463087	RUNX2	6	45509676	A	394	1.46	0.31	2.2E-01	A	292	0.95	0.43	9.1E-01	A	281	2.29	0.36	2.0E-02
rs946478	NTSR1	20	60817437	G	391	0.99	0.17	9.6E-01	G	289	0.81	0.22	3.3E-01	G	280	1.20	0.21	3.8E-01
rs949493	STAU2	8	74690550	C	394	1.48	0.28	1.7E-01	C	292	1.37	0.35	3.7E-01	C	281	1.75	0.34	9.7E-02
rs951012	PRKCE	2	46251135	A	394	1.05	0.15	7.6E-01	A	292	0.87	0.20	4.8E-01	A	281	1.30	0.19	1.6E-01
rs9520087	EFNB2	13	105942321	A	384	0.94	0.15	6.6E-01	A	284	0.95	0.18	7.8E-01	A	273	0.90	0.19	5.7E-01
rs9532	PPP1R1B	17	35046139	A	394	1.78	0.64	3.7E-01	A	292	1.83	0.83	4.6E-01	A	281	2.77	0.77	1.9E-01
rs957717	PRKG1	10	52464130	T	394	0.79	0.15	1.1E-01	T	292	0.84	0.18	3.4E-01	T	281	0.75	0.19	1.2E-01
rs957828	PRKACB	1	84314304	C	392	0.80	0.16	1.6E-01	C	291	0.68	0.20	5.8E-02	C	280	1.00	0.20	9.9E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs959	PTGER3	1	71090849	C	393	0.88	0.18	4.6E-01	C	291	0.88	0.21	5.6E-01	C	280	0.87	0.22	5.3E-01
rs960452	CAMK4	5	110723657	G	394	1.04	0.15	7.7E-01	G	292	1.35	0.18	8.8E-02	G	281	0.82	0.19	3.1E-01
rs9608416	ADRBK2	22	24441018	G	394	0.76	0.14	5.3E-02	G	292	0.64	0.18	1.5E-02	G	281	0.95	0.18	8.0E-01
rs9610338	MAPK1	22	20481821	A	394	1.13	0.14	3.7E-01	A	292	0.96	0.17	8.3E-01	A	281	1.33	0.17	9.9E-02
rs9610496	MAPK1	22	20549449	T	394	0.94	0.17	7.4E-01	T	292	0.97	0.20	8.9E-01	T	281	0.91	0.22	6.6E-01
rs9624896	ADRBK2	22	24503184	T	394	0.96	0.15	7.7E-01	T	292	1.08	0.18	6.7E-01	T	281	0.87	0.19	4.7E-01
rs963065	PPP3CA	4	102284654	T	394	1.10	0.14	5.2E-01	T	292	1.07	0.18	6.9E-01	T	281	1.14	0.18	4.8E-01
rs9639168	ETV1	7	13945334	C	394	1.32	0.15	5.9E-02	C	292	1.62	0.18	6.4E-03	C	281	1.16	0.19	4.4E-01
rs9639213	AIM	7	14707372	A	394	1.04	0.15	7.7E-01	A	292	1.18	0.18	3.5E-01	A	281	0.91	0.19	6.2E-01
rs9646720	TRPM8	2	234512312	G	393	0.88	0.18	4.5E-01	G	291	0.73	0.22	1.6E-01	G	281	1.06	0.22	7.8E-01
rs9646771	SCN9A	2	166871289	T	394	0.95	0.15	7.6E-01	T	292	0.95	0.18	7.6E-01	T	281	0.91	0.19	6.3E-01
rs9646772	SCN9A	2	166871445	A	394	0.97	0.15	8.2E-01	A	292	0.97	0.18	8.5E-01	A	281	0.91	0.19	6.3E-01
rs9651118	MTHFR	1	11784801	C	393	1.09	0.17	6.3E-01	C	291	1.03	0.21	8.7E-01	C	280	1.24	0.21	3.1E-01
rs9658255	NOS1	12	116284139	C	393	0.92	0.14	5.5E-01	C	292	0.76	0.18	1.1E-01	C	280	1.06	0.18	7.4E-01
rs9658354	NOS1	12	116208608	T	394	1.11	0.14	4.4E-01	T	292	1.16	0.17	3.7E-01	T	281	1.08	0.18	6.5E-01
rs9658501	NOS1	12	116149647	G	394	1.52	0.65	5.2E-01	G	292	1.84	0.72	4.0E-01	G	281	1.01	0.88	9.9E-01
rs966824	HIF1A	14	61270271	T	394	0.89	0.33	7.4E-01	T	292	0.61	0.46	2.7E-01	T	281	1.24	0.39	5.7E-01
rs969	ZFAND5	9	74159684	C	394	1.13	0.14	4.0E-01	C	292	1.27	0.17	1.7E-01	C	281	1.02	0.18	9.2E-01
rs9694958	IKBKB	8	42275203	G	393	0.87	0.27	6.0E-01	G	292	0.79	0.34	4.9E-01	G	280	0.85	0.34	6.3E-01
rs971000	FMR1	23	146809485	G	394	1.09	0.15	5.6E-01	G	292	1.14	0.18	4.6E-01	G	281	1.01	0.18	9.7E-01
rs971249	ACE2	23	15517571	T	393	1.01	0.15	9.2E-01	T	291	1.21	0.18	2.8E-01	T	280	0.76	0.20	1.7E-01
rs971930	SLC6A11	3	10847262	G	394	0.64	0.15	2.7E-03	G	292	0.71	0.17	4.4E-02	G	281	0.57	0.19	3.0E-03
rs9722	S100B	21	46843667	A	394	1.44	0.24	1.3E-01	A	292	1.27	0.30	4.2E-01	A	281	1.68	0.29	7.1E-02
rs972488	ERBB4	2	213025157	T	394	1.04	0.20	8.4E-01	T	292	1.14	0.24	6.0E-01	T	281	1.11	0.26	6.9E-01
rs973002	CRHR2	7	30665429	G	392	0.99	0.19	9.5E-01	G	290	0.88	0.25	6.0E-01	G	279	1.18	0.23	4.8E-01
rs9764	NPY1R	4	164464855	C	394	1.16	0.16	3.7E-01	C	292	1.18	0.20	4.1E-01	C	281	1.24	0.21	3.0E-01
rs977003	HTR2A	13	46313002	C	394	0.98	0.15	8.8E-01	C	292	1.16	0.18	4.2E-01	C	281	0.78	0.19	1.9E-01
rs977516	GRIA4	11	105066764	C	393	0.97	0.14	8.2E-01	C	291	1.06	0.18	7.3E-01	C	281	0.92	0.18	6.2E-01
rs9782928	KCNA2	1	110943205	T	394	1.00	0.14	1.0E+00	T	292	0.98	0.18	9.0E-01	T	281	0.97	0.18	8.8E-01
rs9785000	ETV1	7	13897707	G	394	0.91	0.17	6.0E-01	G	292	0.85	0.21	4.4E-01	G	281	0.94	0.22	7.7E-01
rs9785023	NPY	7	24291534	G	394	0.82	0.15	1.7E-01	G	292	0.85	0.18	3.5E-01	G	281	0.79	0.19	2.1E-01
rs9785086	PPP3CC	8	22357907	T	387	1.09	0.30	7.8E-01	T	288	1.14	0.35	7.2E-01	T	274	1.02	0.38	9.5E-01
rs9785118	IKBKB	8	42305648	G	394	0.82	0.44	6.6E-01	G	292	0.48	0.66	2.7E-01	G	281	1.31	0.50	5.9E-01
rs979924	PLA2G4A	1	185064102	C	394	0.85	0.22	4.5E-01	C	292	0.69	0.29	1.9E-01	C	281	1.01	0.27	9.6E-01
rs9806373	CHRM5	15	32095249	T	394	0.97	0.25	9.0E-01	T	292	1.17	0.28	5.7E-01	T	281	0.72	0.33	3.2E-01
rs9811353	ATP6V1A	3	114966669	A	394	1.17	0.15	3.2E-01	A	292	1.30	0.19	1.6E-01	A	281	1.14	0.19	5.1E-01
rs981288	KCNJ6	21	38142419	T	394	1.11	0.26	6.9E-01	T	292	1.03	0.32	9.3E-01	T	281	1.26	0.33	4.8E-01
rs9815891	SCN10A	3	38808001	T	394	1.19	0.15	2.4E-01	T	292	1.05	0.18	8.1E-01	T	281	1.34	0.19	1.2E-01
rs981778	GABRB3	15	24508333	A	394	0.90	0.14	4.7E-01	A	292	0.78	0.18	1.8E-01	A	281	1.01	0.18	9.7E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs9824856	DRD3	3	115335421	C	394	0.66	0.54	4.3E-01	C	292	0.67	0.69	5.6E-01	C	281	0.75	0.69	6.8E-01
rs9825563	DRD3	3	115382910	G	394	1.08	0.15	6.1E-01	G	292	1.29	0.17	1.5E-01	G	281	0.94	0.20	7.5E-01
rs9827941	SCN10A	3	38811463	A	394	0.76	0.14	5.3E-02	A	292	0.80	0.17	1.8E-01	A	281	0.71	0.18	5.3E-02
rs9830725	MME	3	156351240	G	393	1.03	0.15	8.6E-01	G	291	0.98	0.18	9.1E-01	G	280	1.07	0.19	7.2E-01
rs9835618	SLC6A11	3	10839445	G	394	0.67	0.18	3.1E-02	G	292	0.72	0.22	1.4E-01	G	281	0.60	0.24	3.3E-02
rs9841857	NFKBIZ	3	103032712	T	394	0.86	0.17	3.8E-01	T	292	0.80	0.21	2.9E-01	T	281	0.95	0.22	8.2E-01
rs9862375	EPHB3	3	185773042	A	392	1.33	0.27	3.0E-01	A	290	1.12	0.34	7.4E-01	A	279	1.54	0.32	1.8E-01
rs9862876	CX3CR1	3	39286587	G	394	1.06	0.16	7.4E-01	G	292	0.84	0.21	4.1E-01	G	281	1.36	0.20	1.3E-01
rs9864287	MME	3	156367900	T	376	1.05	0.15	7.6E-01	T	281	0.93	0.19	7.1E-01	T	269	1.20	0.20	3.5E-01
rs9877389	P2RY12	3	152534805	A	394	1.32	0.19	1.5E-01	A	292	1.06	0.26	8.1E-01	A	281	1.66	0.23	3.0E-02
rs989692	MME	3	156284059	T	393	1.06	0.15	7.1E-01	T	291	1.06	0.18	7.5E-01	T	280	0.94	0.18	7.6E-01
rs9905578	ARRB2	17	4556389	T	394	1.00	0.32	1.0E+00	T	292	0.82	0.39	6.1E-01	T	281	1.11	0.37	7.8E-01
rs991738	GLRA1	5	151278642	A	394	1.00	0.14	1.0E+00	A	292	1.06	0.17	7.4E-01	A	281	0.95	0.18	7.6E-01
rs9918696	CAMK2B	7	44328435	G	394	1.26	0.14	1.0E-01	G	292	1.28	0.18	1.6E-01	G	281	1.27	0.18	1.8E-01
rs991985	KCNJ6	21	38128024	A	393	0.99	0.15	9.2E-01	A	292	1.08	0.17	6.5E-01	A	280	0.92	0.19	6.5E-01
rs9926131	ADCY7	16	48905910	A	391	0.79	0.15	1.2E-01	A	290	0.83	0.18	2.9E-01	A	278	0.76	0.19	1.6E-01
rs9936021	ADCY7	16	48883714	G	393	1.16	0.17	3.8E-01	G	291	1.15	0.20	4.8E-01	G	280	1.12	0.22	5.9E-01
rs9937837	ITGAM	16	31206440	G	394	0.99	0.16	9.4E-01	G	292	0.85	0.19	4.0E-01	G	281	1.08	0.20	6.9E-01
rs9939322	ADCY7	16	48885337	A	393	0.96	0.19	8.3E-01	A	291	0.92	0.23	7.1E-01	A	280	1.01	0.23	9.8E-01
rs9941944	ADRBK2	22	24378926	C	394	0.88	0.26	6.1E-01	C	292	0.62	0.35	1.7E-01	C	281	1.07	0.30	8.1E-01
rs9953038	MC4R	18	56195643	C	394	0.43	0.61	1.7E-01	C	292	0.39	0.79	2.3E-01	C	281	0.44	0.79	3.0E-01
rs9961622	GALR1	18	73102328	C	392	0.82	0.44	6.4E-01	C	290	0.89	0.52	8.2E-01	C	279	0.65	0.59	4.7E-01
rs9966412	MC4R	18	56184915	T	394	1.18	0.22	4.5E-01	T	292	1.20	0.26	4.9E-01	T	281	1.09	0.27	7.5E-01
rs9973445	CXCR4	2	136595086	C	394	0.88	0.23	5.6E-01	C	292	1.09	0.27	7.5E-01	C	281	0.66	0.32	1.9E-01
rs997926	PPP3CA	4	102178167	G	394	0.99	0.16	9.4E-01	G	292	1.06	0.19	7.6E-01	G	281	0.94	0.20	7.4E-01
rs998259	GCH1	14	54424781	T	394	0.99	0.17	9.3E-01	T	292	0.98	0.20	9.4E-01	T	281	0.96	0.21	8.3E-01
rs9989002	IGF1	12	101374353	A	394	0.83	0.16	2.4E-01	A	292	0.87	0.19	4.7E-01	A	281	0.81	0.20	2.8E-01
rs9990860	NPY2R	4	156359515	G	394	0.94	0.17	7.3E-01	G	292	0.89	0.20	5.8E-01	G	281	0.99	0.21	9.5E-01
rs9997745	ACSL1	4	185974837	A	393	0.61	0.21	2.1E-02	A	292	0.57	0.27	3.7E-02	A	280	0.69	0.27	1.6E-01
rs10087172	CHRNA6	8	42736025	C	391	0.93	0.20	7.2E-01	C	290	0.77	0.25	3.0E-01	C	279	1.07	0.25	8.0E-01
rs1072003	CHRNA6	8	42739158	G	387	1.07	0.20	7.3E-01	G	287	0.90	0.25	6.7E-01	G	276	1.19	0.25	5.0E-01
rs11047919	KRAS	12	25290388	A	386	0.90	0.15	4.5E-01	A	287	1.02	0.18	9.2E-01	A	276	0.78	0.19	1.9E-01
rs1137188	KRAS	12	25250619	G	385	0.94	0.15	6.5E-01	G	286	1.09	0.18	6.2E-01	G	275	0.83	0.19	3.1E-01
rs1137282	KRAS	12	25254044	G	388	0.68	0.18	2.9E-02	G	289	0.80	0.21	3.0E-01	G	276	0.60	0.23	2.9E-02
rs12424283	KRAS	12	25269293	G	385	0.92	0.15	5.9E-01	G	286	1.06	0.18	7.4E-01	G	276	0.84	0.19	3.4E-01
rs208294	P2RX7	12	120084636	T	384	1.08	0.15	6.1E-01	T	285	0.94	0.18	7.5E-01	T	274	1.18	0.19	3.9E-01
rs2196128	CHRNA6	8	42737443	C	382	0.88	0.19	5.0E-01	C	283	0.75	0.23	2.3E-01	C	273	1.01	0.23	9.8E-01
rs2304297	CHRNA6	8	42727356	C	385	0.97	0.19	8.8E-01	C	285	0.85	0.23	4.8E-01	C	275	1.09	0.23	7.0E-01
rs2955407	KRAS	12	25299354	C	384	0.86	0.15	3.2E-01	C	283	0.94	0.19	7.4E-01	C	276	0.75	0.19	1.3E-01

SNP	GENE	CHR	BP	TMD					TMD with widespread pain					Localized TMD				
				A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P	A1	N	OR	SE	P
rs7133640	KRAS	12	25279583	G	387	0.67	0.18	2.6E-02	G	288	0.82	0.21	3.6E-01	G	276	0.57	0.24	1.6E-02
rs7309670	KRAS	12	25290240	A	384	0.73	0.16	5.6E-02	A	285	0.93	0.19	7.0E-01	A	275	0.59	0.22	1.7E-02
rs7312175	KRAS	12	25295871	A	385	0.98	0.21	9.4E-01	A	285	0.91	0.27	7.3E-01	A	275	0.99	0.26	9.7E-01
rs7828365	CHRNA6	8	42748471	T	386	1.39	0.24	1.6E-01	T	286	1.25	0.28	4.4E-01	T	275	1.40	0.28	2.3E-01
rs7960917	KRAS	12	25252913	G	387	0.66	0.18	2.0E-02	G	288	0.79	0.22	2.6E-01	G	276	0.57	0.24	1.8E-02
rs892413	CHRNA6	8	42733535	A	385	0.92	0.20	6.9E-01	A	285	0.76	0.26	2.7E-01	A	276	1.07	0.25	8.0E-01
rs9266	KRAS	12	25253484	A	387	0.95	0.15	7.0E-01	A	288	1.08	0.18	6.5E-01	A	277	0.86	0.19	4.0E-01
rs9479757	OPRM1	6	154453037	A	386	1.20	0.26	4.7E-01	A	286	1.14	0.30	6.6E-01	A	274	1.15	0.31	6.6E-01