

Supplementary Table 1: Description of participating case studies

Study Name	Country of Origin	GWAS Stage 1A		GWAS Stage 1B		Stage 1A + 1B			CEU Taqman replication
		No. Cases genotyped	No. Cases passed QC (in analysis)	No. Cases genotyped	No. Cases passed QC (in analysis)	CEU	AA	HISP	
Children's Oncology Group	USA	608	595			374	86	93	41
Universidad de Navarra, Pamplona	Spain	88	81	12	12	89	1	1	6
University of Toronto, Litwin Centre for Cancer Genetics, Mt Sinai Hospital	Canada	104	101			75	9	5	2
Royal National Orthopaedic Hospital NHS Trust and University College London Cancer Institute	UK	53	46	48	37	71	1		52
Istituto Ortopedico Rizzoli	Italy	27	25	51	48	76			6
Peter MacCallum Cancer Centre, East Melbourne, VIC	Australia			15	10	9			13
Ankara Oncology and Education Research Hospital	Turkey	30	27 ^a						4
Harvard School of Dental Medicine	USA								91
Instituto de Oncologia Pediátrica GRAACC/UNIFESP and Universidade Federal de Sao Paulo	Brazil								32
Total		910	875	126	107	694	97	99	247

^a For the CEU model, subjects were excluded with <80% European ancestry, Ankara individuals were excluded.

Supplementary Table 2: Association results of the 30 SNPs analyzed in the combined GWAS

LOCUS	CYTOBAND	LOCATION	GENE NEIGHBORHOOD	ALLELES (REF EFF)	GWAS Stage 1A			GWAS Stage 1A+1B			Taqman			GWAS + Taqman		
					OR	95%CI	P	OR	95%CI	P	OR	95%CI	P	OR	95%CI	P
rs1906953	6p21.31	34144424	GRM4	G A	1.59	(1.31-1.93)	2.00E-06	1.45	(1.21-1.73)	4.00E-05	2.00	(1.47-2.72)	6.54E-06	1.57	(1.35-1.83)	8.05E-09
rs12545104	8p23.3	1808923	ARHGEF10, KIAA0294	A G	1.37	(1.20-1.57)	4.00E-06	1.36	(1.20-1.54)	2.00E-06	1.03	(0.83-1.29)	7.70E-01	1.27	(1.14-1.42)	1.86E-05
rs8036460	15q14	35905945		C A	1.43	(1.23-1.67)	5.00E-06	1.44	(1.24-1.67)	2.00E-06	1.00	(0.78-1.28)	9.86E-01	1.3	(1.15-1.48)	5.83E-05
rs4632189	17q23.1	55403697	RNFT1, AK097658, DHX40P	T G	1.84	(1.41-2.40)	7.00E-06	1.71	(1.31-2.23)	6.90E-05	1.39	(0.94-2.05)	1.01E-01	1.6	(1.29-2.00)	2.55E-05
rs573666	13q14.3	50092406	AJ412031	G A	0.72	(0.63-0.83)	8.00E-06	0.7	(0.61-0.80)	2.57E-07	1.00	(0.79-1.25)	9.82E-01	0.77	(0.68-0.86)	8.59E-06
rs1467345	7p21.3	11750442	THSD7A	C T	1.51	(1.26-1.82)	8.00E-06	1.44	(1.21-1.72)	4.00E-05	0.79	(0.58-1.08)	1.35E-01	1.24	(1.07-1.45)	4.64E-03
rs12531253	7p15.1	28824131	CREB5	A G	1.4	(1.20-1.62)	1.20E-05	1.39	(1.20-1.61)	1.50E-05	1.00	(0.78-1.28)	9.89E-01	1.27	(1.12-1.44)	2.11E-04
rs10208273	2p25.2	6441445		T C	1.37	(1.19-1.58)	1.40E-05	1.37	(1.20-1.56)	3.00E-06	1.31	(1.03-1.67)	2.72E-02	1.35	(1.21-1.52)	2.93E-07
rs11673716	2q23.3	153981721		T C	1.45	(1.23-1.72)	1.50E-05	1.44	(1.22-1.68)	1.00E-05	1.13	(0.85-1.50)	4.13E-01	1.35	(1.18-1.56)	2.06E-05
rs10025742	4p15.1	27934026		A G	1.38	(1.19-1.61)	1.70E-05	1.34	(1.16-1.54)	5.50E-05	1.20	(0.92-1.57)	1.85E-01	1.31	(1.15-1.48)	2.79E-05
rs2888638	2p22.1	39989735		T G	1.94	(1.44-2.63)	1.70E-05	1.92	(1.44-2.55)	7.00E-06	1.30	(0.73-2.29)	3.71E-01	1.77	(1.38-2.29)	1.03E-05
rs2797501	10p15.1	5844537	C10orf18, GDI2	A G	0.58	(0.45-0.74)	2.00E-05	0.59	(0.46-0.76)	4.40E-05	0.69	(0.48-1.01)	5.23E-02	0.62	(0.51-0.77)	7.88E-06
rs10762759	10q22.3	78870123	KCNMA1	T C	1.45	(1.22-1.72)	2.10E-05	1.43	(1.22-1.69)	1.50E-05	1.00	(0.73-1.37)	9.91E-01	1.33	(1.15-1.53)	1.23E-04
rs7591996	2p25.2	6378872		A C	0.75	(0.65-0.85)	2.30E-05	0.77	(0.68-0.87)	4.80E-05	0.59	(0.47-0.74)	5.71E-06	1.39	(1.23-1.54)	1.04E-08
rs4551307	8q24.21	128668854		A G	1.47	(1.23-1.76)	2.80E-05	1.49	(1.25-1.78)	9.00E-06	1.10	(0.83-1.46)	4.89E-01	1.37	(1.18-1.59)	3.59E-05
rs8057015	16q23.1	76717963	WVOX	A C	0.74	(0.64-0.85)	2.90E-05	0.76	(0.67-0.87)	4.50E-05	1.15	(0.92-1.45)	2.14E-01	0.85	(0.75-0.95)	3.71E-03
rs17435970	6p23	14392006		C A	1.57	(1.27-1.94)	3.20E-05	1.47	(1.20-1.80)	1.78E-04	0.78	(0.53-1.14)	1.90E-01	1.28	(1.07-1.53)	6.97E-03
rs9691873	7p15.1	28696534	CREB5	A C	0.75	(0.65-0.86)	3.30E-05	0.75	(0.66-0.85)	1.30E-05	0.97	(0.78-1.22)	8.12E-01	0.8	(0.71-0.89)	9.61E-05
rs13403411	2p25.2	6396289		C T	1.34	(1.17-1.55)	3.30E-05	1.33	(1.16-1.51)	2.20E-05	1.23	(0.97-1.56)	8.07E-02	1.3	(1.16-1.46)	5.20E-06
rs2086452	15q26.3	98546186	ADAMTS17	T C	1.35	(1.17-1.56)	3.60E-05	1.35	(1.18-1.56)	2.80E-05	1.33	(1.06-1.66)	1.26E-02	1.35	(1.19-1.52)	1.12E-06
rs432364	15q26.1	90958523	DQ578058, DQ598297, DQ571124, FAM174B	A C	0.74	(0.64-0.86)	3.90E-05	0.76	(0.67-0.87)	7.80E-05	0.90	(0.71-1.13)	3.54E-01	0.79	(0.71-0.89)	9.93E-05
rs17206779	5q12.3	64483533	ADAMTS6	G A	0.76	(0.66-0.86)	3.90E-05	0.76	(0.67-0.86)	2.20E-05	0.73	(0.58-0.92)	6.65E-03	0.75	(0.68-0.84)	5.07E-07
rs12488867	3q25.2	155578472	GPR149	C T	1.4	(1.19-1.64)	4.20E-05	1.3	(1.11-1.51)	8.24E-04	1.20	(0.91-1.60)	1.97E-01	1.28	(1.12-1.46)	3.78E-04
rs11648121	16q23.1	76739487	WVOX	G A	1.39	(1.18-1.63)	5.00E-05	1.33	(1.14-1.54)	2.57E-04	0.73	(0.54-1.00)	4.57E-02	1.18	(1.03-1.35)	1.67E-02
rs17523778	15q26.1	90957863	DQ578058, DQ598297, DQ571124, FAM174B	T C	0.74	(0.64-0.86)	7.30E-05	0.76	(0.66-0.87)	1.27E-04	1.06	(0.85-1.33)	6.02E-01	0.83	(0.74-0.94)	2.91E-03
rs2689326	3q25.2	155577778	GPR149	C A	1.36	(1.17-1.58)	8.40E-05	1.26	(1.08-1.45)	2.25E-03	1.13	(0.87-1.45)	3.59E-01	1.22	(1.08-1.39)	1.89E-03
rs1964240	7p15.1	28818511	CREB5	C A	1.35	(1.16-1.58)	9.00E-05	1.35	(1.16-1.57)	9.10E-05	0.90	(0.70-1.16)	4.10E-01	1.21	(1.07-1.38)	3.12E-03
rs2244012	5q31.1	131929124	RAD50	A G	1.37	(1.17-1.60)	9.40E-05	1.36	(1.17-1.58)	6.20E-05	0.96	(0.73-1.25)	7.39E-01	1.25	(1.10-1.42)	8.94E-04
rs11545028	16q23.1	76691172	WVOX	C T	1.35	(1.16-1.57)	9.60E-05	1.34	(1.16-1.56)	1.09E-04	0.74	(0.57-0.95)	1.97E-02	1.15	(1.01-1.31)	2.92E-02
rs8043510	15q26.1	90960741	DQ578058, DQ598297, DQ571124, FAM174B	T C	1.33	(1.15-1.53)	9.60E-05	1.31	(1.15-1.50)	7.70E-05	1.01	(0.79-1.28)	9.33E-01	1.23	(1.10-1.38)	4.73E-04

Supplementary Table 3. Potential regulatory changes of the top SNPs and surrogate markers based on ENCODE and 1000 Genomes Project data													
Chr	Position (hg19)	variant	Ref	Alt	EA, freq	CEU, freq	YRI, freq	Enhancer histone marks	DNase HS	Proteins bound	Regulatory motifs changed	Regulome DB Score	RefSeq genes
6	34036156	rs73410895	C	T	0.43	0.13	0.49	1 cell type	5 cell types		HMG-IY, Pou3f2,Pou1f1	5	GRM4
6	34036446	rs1906953	C	T	0.46	0.13	0.56		10 cell types			5	GRM4
6	34043298	rs2499694	A	G	0.53	0.19	0.86	1 cell type	1 cell type			5	GRM4
6	34044037	rs4314495	A	G	0	0.18	0.86	1 cell type	3 cell types			5	GRM4
2	6457585	rs6739901	G	C	0.69	0.34	0.77					No Data	329kb 5' of LOC400940
2	6461421	rs7591996	A	C	0.69	0.34	0.86					No Data	333kb 5' of LOC400940
2	6472257	rs115127385	C	G	0.58	0.24	0.24					No Data	344kb 5' of LOC400940
2	6474304	rs10179781	T	A	0.6	0.24	0.24	1 cell type			Hoxb13	6	346kb 5' of LOC400940
2	6478838	rs13403411	G	A	0.56	0.24	0.24	1 cell type			RP58, TAI-1a:E47	6	350kb 5' of LOC400940
2	6486625	rs4669062	T	A	0.58	0.25	0.25	1 cell type			Pou5f1,Pou2f2, Oct-1	6	358kb 5' of LOC400940
2	6491766	rs6736276	G	T	0.71	0.39	0.72	1 cell type	1 cell type		TCFAP2E	5	363kb 5' of LOC400940
2	6491791	rs6723293	A	C	0.6	0.25	0.25	1 cell type	1 cell type		MEF-2, MEF2A, NKX2-4	5	363kb 5' of LOC400940
2	6492438	rs6712182	C	A	0.69	0.38	0.7	1 cell type	1 cell type	IRF4, SPI1, YY1, NFKB1, POLR2A	EWSR1-FLI1	3a	364kb 5' of LOC400940
2	6492840	rs12053330	A	T	0.68	0	0	1 cell type			LHX5, LMX1A, LMX1B, HOXB9, HOXB13, HOXD13, HOXD10, ELF3, MEF-2, SRF	6	364kb 5' of LOC400940
2	6493311	rs10168857	G	C	0.7	0.38	0.7	1 cell type	34 cell types	CTCF,RAD21		4	365kb 5' of LOC400940
2	6494271	rs11695864	T	C	0.58	0.17	0.23	1 cell type		NFKB1		5	366kb 5' of LOC400940
2	6494504	rs9287674	C	T	0.58	0.28	0.42	1 cell type			MAFB	6	366kb 5' of LOC400940
2	6494761	rs9287675	A	G	0.69	0.38	0.7	1 cell type			HMGIIY	6	366kb 5' of LOC400940
2	6494923	rs12052277	T	C	0.58	0.28	0.47	1 cell type				No Data	367kb 5' of LOC400940
2	6495748	rs13394549	G	A	0.58	0.25	0.25					No Data	367kb 5' of LOC400940
2	6497436	rs10203671	T	G	0.69	0.38	0.59					No Data	369kb 5' of LOC400940
2	6499442	rs10171351	G	A	0.7	0.38	0.81	1 cell type	1 cell type	MAFF	ATF5	3a	370kb 3' of FLJ42418
2	6499447	rs10171355	G	C	0.59	0.28	0.57	1 cell type	1 cell type			5	370kb 3' of FLJ42418
2	6500101	rs13392835	G	A	0.6	0.28	0.61				C-ETS-1	6	369kb 3' of FLJ42418
2	6500854	rs6741398	T	C	0.7	0.38	0.86					No Data	368kb 3' of FLJ42418
2	6502497	rs10205734	C	A	0.59	0.28	0.57	1 cell type			COUPdirectrepeat1, NUR77, NR2F2, RARA, RXRA	6	367kb 3' of FLJ42418
2	6502729	rs13426879	C	T	0.6	0.24	0.26	1 cell type			Pou3f3	6	367kb 3' of FLJ42418
2	6502949	rs67611565	T	C	0.6	0.18	0.08					No Data	366kb 3' of FLJ42418

2	6503032	rs1037945	T	C	0.71	0.38	0.86	1 cell type	1 cell type			5	366kb 3' of FLJ42418
2	6503318	rs11694771	C	T	0.71	0.38	0.69	1 cell type	1 cell type		IRF5	5	366kb 3' of FLJ42418
2	6503855	rs11679546	T	C	0.71	0.38	0.86	1 cell type			SOX1	6	365kb 3' of FLJ42418
2	6504784	rs7585700	T	A	0.71	0.38	0.69				AR	6	365kb 3' of FLJ42418
2	6505280	rs7595350	G	A	0.71	0.38	0.84				GM397	6	364kb 3' of FLJ42418
2	6505563	rs7598285	G	A	0.71	0.38	0.82				NR3C1, GR	6	364kb 3' of FLJ42418
2	6505849	rs7586667	A	T	0.71	0.38	0.84					No Data	363kb 3' of FLJ42418
2	6507825	rs1462057	A	T	0.6	0.27	0.22					No Data	361kb 3' of FLJ42418
2	6507834	rs1993770	A	G	0.71	0.38	0.81					No Data	361kb 3' of FLJ42418
2	6508180	rs10183444	G	A	0.71	0.38	0.69	1 cell type			MTF-1	6	361kb 3' of FLJ42418
2	6509148	rs1026613	C	T	0.7	0.38	0.72	2 cell type			NKX3-2	6	360kb 3' of FLJ42418
2	6510073	rs1026612	A	G	0.7	0.38	0.86				FOXP1, FOXJ2, FOXI1, Pou2f3, Pou2f2, OCT-1, Pou5f1	6	359kb 3' of FLJ42418
2	6510901	rs2126373	C	G	0.7	0.33	0.7	2 cell type			AP-3	6	358kb 3' of FLJ42418
2	6519586	rs13414747	T	C	0.59	0.23	0.23				EVI-1	6	350kb 3' of FLJ42418
2	6520712	rs7421408	T	C	0.6	0.23	0.23					No Data	349kb 3' of FLJ42418
2	6520927	rs12623572	G	C	0.59	0.23	0.23					No Data	348kb 3' of FLJ42418
2	6520945	rs12620492	A	T	0.59	0.23	0.23				Pou6f1	6	348kb 3' of FLJ42418
2	6523994	rs10208273	A	G	0.59	0.23	0.23					No Data	345kb 3' of FLJ42418
2	6527776	rs11692325	T	C	0.59	0.24	0.14					No Data	342kb 3' of FLJ42418
2	6527937	rs11686492	C	A	0.59	0.24	0.14					No Data	341kb 3' of FLJ42418
2	6528496	rs11692553	A	T	0.59	0.24	0.14					No Data	341kb 3' of FLJ42418
2	6528955	rs11693963	A	G	0.59	0.24	0.14				AIRE	6	340kb 3' of FLJ42418
2	6529299	rs67792751	A	G	0.59	0.23	0.14				HSF2	6	340kb 3' of FLJ42418
2	6529635	rs1564031	G	A	0.69	0.32	0.36			MAFK		5	340kb 3' of FLJ42418
2	6530606	rs4669064	G	T	0.69	0.32	0.32				FAC1, OCT-1, Pou3f3	6	339kb 3' of FLJ42418
2	6534175	rs60481763	A	T	0.58	0.22	0.14					No Data	335kb 3' of FLJ42418
2	6534815	rs11681056	T	C	0.59	0.24	0.14					No Data	334kb 3' of FLJ42418
2	6535716	rs10180831	A	G	0.59	0.24	0.14					No Data	334kb 3' of FLJ42418
2	6537123	rs7590574	A	G	0.59	0.24	0.14					No Data	332kb 3' of FLJ42418
2	6538963	rs10210672	C	T	0.59	0.28	0.13				EVI-1, GATA-1, GATA-2, GATA-3, GATA-6	6	330kb 3' of FLJ42418
2	6540702	rs1564036	G	A	0.62	0.28	0.26					No Data	329kb 3' of FLJ42418

Highlighted rows indicate the GWAS associated SNPs, all others are surrogates for these SNPs based on a $r^2 > 0.6$ and within 500kb on either side of the index SNP in European ancestry individuals in 1000 Genome Project data

GERP cons. = Genomic evolutionary rate profiling score, sites under evolutionary constraint are indicated.

Lower RegulomeDB score indicates increased evidence of a regulatory function, scores specifically indicate: 3a = TF binding + any motif + DNase peak, 4 = TF binding + DNase peak, 5 = TF binding or DNase peak, 6 = motif hit.

Ref= reference allele; Alt = alternate allele; freq = reference allele frequency from 1000 Genomes Project data in European (CEU), East Asian (ASN), and West African (YRI) ancestry individuals.

Dnase HS = DNase hypersensitivity, potential evidence of open chromatin.

Supplementary Table 4: Association results for candidate genes from previous published literature

Chr.	Position ^a	dbSNP locus	Candidate Gene/region	Cytoband	Gene Neighborhood	dbSNP Annotation	Alleles ^b	MAF ^c	<i>P</i>	OR	95% CI	
chr8	128349990	rs11777807	8q24	8q24.21			C T	0.429 0.488	4.60E-05	1.29	1.14	1.46
chr8	144619949	rs369051	8q24	8q24.3	ZC3H3	intron	G A	0.208 0.163	1.16E-04	0.73	0.62	0.86
chr8	120287483	rs9297594	8q24	8q24.12	MAL2		C T	0.441 0.499	2.24E-04	1.26	1.11	1.42
chr8	125736407	rs7813190	8q24	8q24.13	MTSS1	intron	T C	0.072 0.046	2.50E-04	0.59	0.45	0.79
chr8	129601300	rs10089519	8q24	8q24.21			G A	0.333 0.387	3.87E-04	1.27	1.11	1.44
chr8	130796533	rs4517087	8q24	8q24.21			G A	0.081 0.055	5.00E-04	0.62	0.47	0.81
chr8	141032458	rs2665917	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.477 0.426	7.98E-04	0.81	0.72	0.92
chr8	128358102	rs17378189	8q24	8q24.21	DQ515898,DQ515899,DQ515897		C T	0.432 0.486	8.16E-04	1.24	1.09	1.41
chr8	128668854	rs4551307	8q24	8q24.21			A G	0.165 0.207	8.22E-04	1.31	1.12	1.54
chr8	142549792	rs4907398	8q24	8q24.3	FLJ43860	intron	A G	0.042 0.062	8.30E-04	1.59	1.21	2.10
chr8	128364892	rs412835	8q24	8q24.21	DQ515898,DQ515899,DQ515897		A C	0.420 0.373	8.50E-04	0.81	0.71	0.92
chr8	128551824	rs4871799	8q24	8q24.21	DQ515897		A G	0.231 0.189	8.53E-04	0.77	0.66	0.90
chr8	142776025	rs7844529	8q24	8q24.3			C T	0.305 0.352	0.0011	1.24	1.09	1.42
chr8	135038702	rs1354365	8q24	8q24.22			G A	0.385 0.432	0.0012	1.23	1.08	1.39
chr8	128279002	rs2466032	8q24	8q24.21	AK125310		T C	0.285 0.329	0.0012	1.24	1.09	1.41
chr8	141012685	rs2233230	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	T C	0.480 0.433	0.0014	0.82	0.73	0.93
chr8	140046652	rs7817046	8q24	8q24.3			T G	0.114 0.145	0.0018	1.33	1.11	1.58
chr4	123993029	rs308439	FGF2	4q27	FGF2	intron	T G	0.038 0.057	0.0020	1.54	1.17	2.02
chr8	120644365	rs1058913	8q24	8q24.12	ENPP2	coding-synon	C T	0.254 0.212	0.0021	0.79	0.68	0.92
chr8	128617860	rs13258742	8q24	8q24.21			A G	0.154 0.184	0.0022	1.28	1.09	1.50
chr8	133408579	rs13267466	8q24	8q24.22	KCNQ3	intron	A C	0.185 0.219	0.0022	1.26	1.09	1.46
chr8	125519654	rs10956183	8q24	8q24.13			G A	0.074 0.100	0.0023	1.38	1.12	1.69
chr8	141664205	rs6985156	8q24	8q24.3	EIF2C2	intron	G A	0.107 0.134	0.0024	1.34	1.11	1.62
chr8	140075791	rs2318832	8q24	8q24.3			A C	0.126 0.155	0.0024	1.30	1.10	1.54
chr8	123910126	rs12675789	8q24	8q24.13	ZHX2	intron	G A	0.387 0.423	0.0030	1.21	1.07	1.37
chr8	140059109	rs2135455	8q24	8q24.3			A C	0.153 0.184	0.0034	1.27	1.08	1.49
chr4	123995217	rs308443	FGF2	4q27	FGF2	intron	G A	0.027 0.042	0.0036	1.61	1.16	2.21
chr8	139322987	rs4243888	8q24	8q24.23	C8orfK32,FAM135B	intron	T C	0.345 0.387	0.0036	1.20	1.06	1.36
chr8	128526872	rs7012462	8q24	8q24.21	DQ515897		C T	0.416 0.457	0.0036	1.20	1.06	1.36
chr8	140747601	rs1159873	8q24	8q24.3	KCNK9	intron	G T	0.200 0.236	0.0037	1.24	1.07	1.43
chr8	141114914	rs6578061	8q24	8q24.3	TRAPPC9	coding-synon,intron	A G	0.431 0.471	0.0038	1.20	1.06	1.35
chr12	46517697	rs12721364	VDR	12q13.11	VDR		C T	0.143 0.118	0.0039	0.76	0.63	0.92
chr8	141140105	rs9774091	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.037 0.053	0.0039	1.51	1.14	2.01
chr8	139620994	rs4909806	8q24	8q24.23			A C	0.082 0.108	0.0041	1.34	1.10	1.64
chr8	142343814	rs1865246	8q24	8q24.3			T G	0.325 0.290	0.0046	0.82	0.72	0.94

chr8	128373451	rs6984900	8q24	8q24.21	DQ515898,DQ515899,DQ515897		T C	0.183 0.151	0.0048	0.78	0.66	0.93
chr8	117878286	rs13279543	8q24	8q24.11			A G	0.117 0.144	0.0049	1.29	1.08	1.54
chr8	141140709	rs11991065	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.037 0.054	0.0049	1.52	1.13	2.04
chr8	144589192	rs11136295	8q24	8q24.3	MAFA,ZC3H3		C T	0.222 0.263	0.0050	1.23	1.06	1.42
chr8	135977697	rs7462577	8q24	8q24.22			G A	0.266 0.304	0.0051	1.21	1.06	1.38
chr8	128817680	rs4645948	8q24	8q24.21	BC042052,MYC	UTR-5'	C T	0.019 0.035	0.0053	1.65	1.16	2.37
chr8	133466309	rs2673567	8q24	8q24.22	KCNQ3	intron	C A	0.402 0.365	0.0053	0.84	0.74	0.95
chr8	129115390	rs2720685	8q24	8q24.21	PVT1		C A	0.419 0.380	0.0057	0.84	0.74	0.95
chr8	138659506	rs6996902	8q24	8q24.23			A G	0.068 0.087	0.0058	1.39	1.10	1.75
chr8	138283018	rs16906838	8q24	8q24.23			C T	0.053 0.067	0.0058	1.43	1.11	1.84
chr8	130317775	rs10808577	8q24	8q24.21	CR593328,CR600271	intron	C T	0.467 0.431	0.0059	0.84	0.74	0.95
chr8	140962053	rs7819785	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C A	0.143 0.169	0.0059	1.26	1.07	1.49
chr8	131418897	rs6470816	8q24	8q24.21	ASAP1,DDEF1	intron	T C	0.469 0.507	0.0060	1.19	1.05	1.34
chr8	141023395	rs2665945	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C A	0.289 0.325	0.0060	1.20	1.05	1.38
chr8	132729668	rs1420484	8q24	8q24.22			G A	0.066 0.048	0.0061	0.68	0.51	0.90
chr8	139290846	rs11166797	8q24	8q24.23	C8orfK32,FAM135B	intron	G A	0.125 0.150	0.0067	1.27	1.07	1.51
chr8	124509441	rs10505435	8q24	8q24.13	WDYHV1,C8orf32	coding-synon	G A	0.015 0.029	0.0069	1.74	1.16	2.62
chr8	141653199	rs7824304	8q24	8q24.3	EIF2C2	intron	C T	0.354 0.316	0.0070	0.84	0.74	0.95
chr20	2967957	rs8125955	GNRH2	20p13	PTPRA,GNRH2,MPS26		A C	0.124 0.148	0.0071	1.27	1.07	1.51
chr8	121678479	rs7008488	8q24	8q24.12	SNTB1	intron	A G	0.260 0.294	0.0071	1.20	1.05	1.38
chr8	135074624	rs1125719	8q24	8q24.22			A C	0.440 0.479	0.0074	1.18	1.05	1.34
chr8	141142984	rs6578065	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.082 0.104	0.0076	1.33	1.08	1.64
chr8	137880501	rs6995884	8q24	8q24.23			T C	0.268 0.304	0.0077	1.20	1.05	1.36
chr8	132191346	rs4736741	8q24	8q24.22			C T	0.045 0.034	0.0077	0.63	0.45	0.89
chr8	136861443	rs12056444	8q24	8q24.23			T C	0.083 0.061	0.0077	0.71	0.56	0.92
chr8	125669999	rs4871506	8q24	8q24.13	MTSS1	intron	T G	0.510 0.546	0.0080	1.18	1.04	1.33
chr8	119148377	rs2451157	8q24	8q24.11	EXT1,AK025288	intron	A G	0.163 0.195	0.0080	1.23	1.06	1.44
chr8	121676475	rs7827807	8q24	8q24.12	SNTB1	intron	C T	0.178 0.210	0.0080	1.23	1.05	1.43
chr8	135002169	rs6999388	8q24	8q24.22			C T	0.443 0.400	0.0080	0.85	0.75	0.96
chr8	132233501	rs10956576	8q24	8q24.22			C T	0.141 0.169	0.0081	1.25	1.06	1.47
chr8	140052179	rs1876201	8q24	8q24.3			G A	0.274 0.308	0.0084	1.19	1.05	1.36
chr8	128298045	rs10087719	8q24	8q24.21	AK125310,BC106081		A G	0.256 0.288	0.0085	1.20	1.05	1.37
chr8	136863761	rs10464971	8q24	8q24.23			G A	0.086 0.063	0.0086	0.71	0.56	0.92
chr8	128280411	rs2466035	8q24	8q24.21	AK125310		T C	0.313 0.356	0.0087	1.18	1.04	1.34
chr8	134693776	rs2978056	8q24	8q24.22			C T	0.214 0.186	0.0092	0.82	0.70	0.95
chr6	152460268	rs3778099	ESR1,FAS	6q25.1	ESR1,FAS/ER	intron	T C	0.102 0.079	0.0092	0.74	0.59	0.93

chr8	119151258	rs2255931	8q24	8q24.11	EXT1,AK025288	intron	A G	0.230 0.263	0.0092	1.20	1.05	1.38
chr8	141042792	rs2665926	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.453 0.416	0.0094	0.85	0.75	0.96
chr8	135565242	rs10103826	8q24	8q24.22	ZFAT	intron	C T	0.170 0.139	0.0098	0.80	0.67	0.95
chr8	139711509	rs4301456	8q24	8q24.23	COL22A1	intron	C A	0.050 0.034	0.0099	0.65	0.46	0.90
chr8	140739149	rs759656	8q24	8q24.3	KCNK9	intron	T C	0.220 0.252	0.0100	1.20	1.04	1.38
chr8	124862224	rs2163534	8q24	8q24.13	FAM91A1	intron	T C	0.398 0.438	0.0100	1.17	1.04	1.33
chr8	133618581	rs9297852	8q24	8q24.22			C A	0.326 0.291	0.0104	0.84	0.73	0.96
chr8	135076849	rs6982411	8q24	8q24.22			T C	0.437 0.476	0.0107	1.17	1.04	1.33
chr8	141143846	rs7005840	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	A C	0.099 0.122	0.0111	1.28	1.06	1.56
chr8	117725962	rs1347626	8q24	8q24.11	EIF3H	near-gene-3'	C T	0.111 0.135	0.0112	1.28	1.06	1.54
chr8	133566309	rs1901090	8q24	8q24.22	KCNQ3		G A	0.317 0.353	0.0112	1.18	1.04	1.34
chr8	119160349	rs9297575	8q24	8q24.11	EXT1,AK025288	intron	A C	0.445 0.403	0.0114	0.86	0.76	0.97
chr8	127722723	rs11784545	8q24	8q24.21			C T	0.077 0.055	0.0116	0.72	0.56	0.93
chr8	125506992	rs4620270	8q24	8q24.13			G T	0.146 0.171	0.0117	1.23	1.05	1.45
chr8	136049429	rs6992707	8q24	8q24.22			A G	0.245 0.271	0.0119	1.19	1.04	1.37
chr8	138268410	rs11780467	8q24	8q24.23			T C	0.174 0.197	0.0120	1.22	1.04	1.42
chr8	133609525	rs1515509	8q24	8q24.22			A C	0.276 0.241	0.0125	0.83	0.72	0.96
chr8	130832019	rs16904150	8q24	8q24.21	GSDMC	intron	C T	0.041 0.054	0.0130	1.43	1.08	1.89
chr8	130248160	rs9643245	8q24	8q24.21			C T	0.405 0.438	0.0132	1.17	1.03	1.33
chr8	141656586	rs9694342	8q24	8q24.3	EIF2C2	intron	C T	0.359 0.324	0.0138	0.85	0.75	0.97
chr8	138935678	rs2326130	8q24	8q24.23			A G	0.269 0.241	0.0139	0.84	0.72	0.96
chr8	141155508	rs7005952	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	A G	0.065 0.083	0.0141	1.33	1.06	1.67
chr8	126285770	rs7837996	8q24	8q24.13	NSMCE2	intron	G A	0.061 0.075	0.0146	1.35	1.06	1.72
chr8	136950018	rs7818542	8q24	8q24.23			G A	0.092 0.069	0.0146	0.75	0.59	0.94
chr8	140831665	rs11992718	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	T C	0.187 0.216	0.0146	1.21	1.04	1.40
chr8	142348594	rs6992286	8q24	8q24.3			G A	0.331 0.368	0.0147	1.18	1.03	1.34
chr8	132777104	rs16904505	8q24	8q24.22			C T	0.119 0.146	0.0149	1.24	1.04	1.48
chr8	128544367	rs921146	8q24	8q24.21	DQ515897		A C	0.204 0.175	0.0152	0.82	0.70	0.96
chr8	121662368	rs4871072	8q24	8q24.12	SNTB1	intron	A G	0.252 0.283	0.0154	1.18	1.03	1.36
chr8	124583364	rs3739286	8q24	8q24.13	AK023391,FBXO3 2		G A	0.240 0.210	0.0155	0.83	0.71	0.97
chr8	124328612	rs13261992	8q24	8q24.13	C8orf76,ZHX1		A C	0.046 0.031	0.0157	0.65	0.46	0.92
chr8	128556704	rs10086608	8q24	8q24.21	DQ515897		G A	0.107 0.082	0.0158	0.77	0.62	0.95
chr8	120180592	rs17179583	8q24	8q24.12	COLEC10	intron	T C	0.120 0.148	0.0158	1.24	1.04	1.47
chr8	128487118	rs10505473	8q24	8q24.21	DQ515898,DQ515 899,DQ515897		G A	0.150 0.177	0.0161	1.22	1.04	1.43
chr8	132754845	rs10092594	8q24	8q24.22			C T	0.150 0.124	0.0162	0.80	0.66	0.96
chr6	152349399	rs2144025	ESR1,FAS	6q25.1	ESR1,FAS/ER	intron	C T	0.136 0.110	0.0163	0.78	0.64	0.96
chr8	125670131	rs4871507	8q24	8q24.13	MTSS1	intron	T C	0.382 0.348	0.0164	0.86	0.75	0.97
chr8	125532431	rs3812475	8q24	8q24.13	TRMT12,CR93366 5	missense	C T	0.502 0.538	0.0166	1.16	1.03	1.31
chr8	141023141	rs2665946	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	A G	0.289 0.320	0.0166	1.18	1.03	1.35

chr8	133550519	rs2673557	8q24	8q24.22	KCNQ3	intron	A G	0.401 0.438	0.0169	1.16	1.03	1.31
chr8	120249958	rs6990281	8q24	8q24.12			C T	0.160 0.187	0.0172	1.21	1.03	1.42
chr8	118548028	rs7015627	8q24	8q24.11			G A	0.050 0.066	0.0178	1.38	1.06	1.80
chr8	129875156	rs1356761	8q24	8q24.21			C T	0.265 0.293	0.0179	1.17	1.03	1.34
chr8	144114501	rs9692931	8q24	8q24.3			C T	0.020 0.030	0.0180	1.58	1.08	2.32
chr8	128074429	rs1487232	8q24	8q24.21			C T	0.065 0.047	0.0181	0.72	0.54	0.95
chr8	128251633	rs2456461	8q24	8q24.21			A G	0.392 0.428	0.0181	1.16	1.03	1.31
chr8	140795371	rs199219	8q24	8q24.3	TRAPPC9		G A	0.111 0.131	0.0183	1.26	1.04	1.52
chr8	135992836	rs10111298	8q24	8q24.22			C T	0.211 0.180	0.0184	0.83	0.71	0.97
chr8	144733496	rs1062391	8q24	8q24.3	GSDMD,pp14450, C8orf73,NAPRT1, EEF1D,BC034020	coding- synon,near-gene- 3'	T C	0.363 0.392	0.0186	1.17	1.03	1.33
chr8	122053249	rs7828438	8q24	8q24.12			A G	0.335 0.372	0.0186	1.17	1.03	1.33
chr8	131199776	rs10956511	8q24	8q24.21	ASAP1	intron	C T	0.318 0.347	0.0187	1.17	1.03	1.34
chr8	131538874	rs868104	8q24	8q24.22			G A	0.301 0.331	0.0191	1.18	1.03	1.34
chr8	141089991	rs6578056	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.047 0.063	0.0193	1.36	1.05	1.75
chr8	125049889	rs17270769	8q24	8q24.13	FER1L6,C8orf54	intron	C T	0.397 0.365	0.0193	0.86	0.76	0.98
chr8	118121586	rs7011057	8q24	8q24.11	SLC30A8		G A	0.241 0.217	0.0195	0.84	0.72	0.97
chr8	138654925	rs7822502	8q24	8q24.23			G A	0.150 0.169	0.0197	1.22	1.03	1.44
chr8	129176227	rs2648902	8q24	8q24.21	PVT1		G A	0.287 0.256	0.0198	0.85	0.74	0.97
chr8	126495568	rs7822730	8q24	8q24.13			C T	0.046 0.062	0.0199	1.38	1.05	1.81
chr8	134574579	rs1040339	8q24	8q24.22	ST3GAL1	intron	A G	0.047 0.064	0.0199	1.37	1.05	1.79
chr8	128819722	rs4645959	8q24	8q24.21	BC042052,MYC	missense	A G	0.043 0.028	0.0199	0.66	0.46	0.94
chr8	122399652	rs13267240	8q24	8q24.12			C T	0.227 0.195	0.0201	0.84	0.72	0.97
chr8	121685550	rs7017780	8q24	8q24.12	SNTB1	intron	G A	0.198 0.226	0.0202	1.19	1.03	1.38
chr8	132074392	rs6988204	8q24	8q24.22	ADCY8	intron	C A	0.444 0.411	0.0202	0.86	0.76	0.98
chr8	128257201	rs2466024	8q24	8q24.21			G A	0.390 0.424	0.0204	1.16	1.02	1.31
chr8	140917074	rs876745	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	A G	0.235 0.264	0.0212	1.18	1.02	1.35
chr8	142371442	rs919873	8q24	8q24.3			C T	0.077 0.093	0.0212	1.28	1.04	1.59
chr8	134690044	rs16904960	8q24	8q24.22			G A	0.190 0.169	0.0213	0.83	0.71	0.97
chr8	145484561	rs4977203	8q24	8q24.3	BOP1,HSF1	intron,near-gene- 5'	C T	0.493 0.530	0.0214	1.15	1.02	1.31
chr8	141279396	rs13259162	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	G A	0.344 0.375	0.0220	1.16	1.02	1.31
chr8	125675249	rs4871510	8q24	8q24.13	MTSS1	intron	G A	0.467 0.499	0.0221	1.15	1.02	1.30
chr8	133950426	rs180204	8q24	8q24.22	TG	intron	C T	0.237 0.266	0.0223	1.17	1.02	1.35
chr8	141691719	rs2176397	8q24	8q24.3	EIF2C2	intron	C T	0.285 0.311	0.0224	1.17	1.02	1.34
chr8	121143409	rs6998748	8q24	8q24.12	DEPDC6		T C	0.020 0.030	0.0227	1.57	1.06	2.31
chr8	128595167	rs7004374	8q24	8q24.21			T C	0.362 0.394	0.0231	1.16	1.02	1.32
chr8	133485738	rs2673562	8q24	8q24.22	KCNQ3	intron	A C	0.343 0.313	0.0231	0.86	0.76	0.98
chr8	138935273	rs4909709	8q24	8q24.23			T C	0.486 0.513	0.0232	1.16	1.02	1.31
chr8	124733294	rs11784175	8q24	8q24.13	KLHL38	missense	T A	0.136 0.159	0.0232	1.22	1.03	1.45

chr8	122053539	rs17196271	8q24	8q24.12			C T	0.424 0.458	0.0235	1.16	1.02	1.32
chr8	131094216	rs2060983	8q24	8q24.21	FAM49B		G A	0.414 0.444	0.0237	1.15	1.02	1.30
chr8	134631796	rs16904945	8q24	8q24.22	ST3GAL1	intron	T C	0.018 0.027	0.0240	1.60	1.06	2.42
chr8	141332197	rs11166965	8q24	8q24.3	TRAPPC9	coding-synon	G A	0.124 0.104	0.0242	0.79	0.65	0.97
chr8	138944681	rs907461	8q24	8q24.23			T C	0.488 0.514	0.0246	1.15	1.02	1.31
chr8	138252044	rs10088280	8q24	8q24.23			T C	0.040 0.053	0.0249	1.40	1.04	1.87
chr8	123961250	rs4871320	8q24	8q24.13	ZHX2	intron	A G	0.295 0.267	0.0251	0.85	0.74	0.98
chr8	141620589	rs2293939	8q24	8q24.3	EIF2C2	coding-synon	G A	0.269 0.242	0.0253	0.85	0.73	0.98
chr8	142753965	rs13248484	8q24	8q24.3			A G	0.225 0.259	0.0254	1.18	1.02	1.37
chr8	127956742	rs756099	8q24	8q24.21			A G	0.300 0.270	0.0254	0.86	0.75	0.98
chr8	130751569	rs13267039	8q24	8q24.21			T C	0.103 0.083	0.0256	0.77	0.62	0.97
chr8	128658004	rs7824074	8q24	8q24.21			G T	0.286 0.256	0.0256	0.86	0.75	0.98
chr8	139852320	rs1320270	8q24	8q24.23	COL22A1	intron	A G	0.379 0.349	0.0257	0.86	0.76	0.98
chr8	137419638	rs4909593	8q24	8q24.23			T C	0.245 0.278	0.0260	1.17	1.02	1.35
chr8	127651009	rs7012323	8q24	8q24.21			T C	0.264 0.233	0.0261	0.85	0.74	0.98
chr8	137630686	rs305262	8q24	8q24.23			G A	0.262 0.227	0.0262	0.84	0.73	0.98
chr8	143046590	rs1542758	8q24	8q24.3			A G	0.088 0.108	0.0262	1.26	1.03	1.54
chr8	120748439	rs10505371	8q24	8q24.12			C T	0.134 0.111	0.0263	0.81	0.67	0.98
chr8	144406670	rs2272631	8q24	8q24.3	ZFP41	intron	G A	0.208 0.233	0.0267	1.18	1.02	1.36
chr8	142392371	rs7818687	8q24	8q24.3			T C	0.042 0.051	0.0268	1.37	1.04	1.81
chr8	143124877	rs6993344	8q24	8q24.3			C T	0.440 0.474	0.0268	1.15	1.02	1.30
chr8	141049638	rs10875447	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.307 0.339	0.0273	1.16	1.02	1.33
chr8	141219100	rs7006969	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C A	0.419 0.454	0.0273	1.14	1.02	1.29
chr8	119264092	rs2514734	8q24	8q24.12	SAMD12		T G	0.338 0.369	0.0274	1.15	1.02	1.31
chr8	135575225	rs4424215	8q24	8q24.22	ZFAT	intron	T C	0.323 0.291	0.0276	0.86	0.75	0.98
chr8	135821817	rs13272667	8q24	8q24.22			C A	0.109 0.132	0.0276	1.23	1.02	1.47
chr8	134678592	rs7830798	8q24	8q24.22			A G	0.205 0.233	0.0277	1.18	1.02	1.36
chr8	120415891	rs2447186	8q24	8q24.12			A G	0.198 0.228	0.0281	1.19	1.02	1.39
chr8	120176806	rs13254750	8q24	8q24.12	COLEC10	intron	G A	0.113 0.137	0.0282	1.22	1.02	1.46
chr8	134156632	rs4301434	8q24	8q24.22	TG,SLA,SLAP	intron	A G	0.463 0.435	0.0284	0.87	0.77	0.99
chr8	130473112	rs16904064	8q24	8q24.21			T G	0.299 0.323	0.0291	1.16	1.02	1.33
chr8	135857073	rs7832498	8q24	8q24.22			C T	0.041 0.028	0.0291	0.68	0.48	0.96
chr8	125555948	rs3812472	8q24	8q24.13	CR933665,RNF139,TATDN1	near-gene-5'	C T	0.512 0.543	0.0294	1.15	1.01	1.30
chr8	141046387	rs2665931	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	T C	0.218 0.243	0.0295	1.17	1.02	1.35
chr8	127028456	rs1602511	8q24	8q24.13	BX648371	intron	C T	0.171 0.203	0.0298	1.18	1.02	1.38
chr8	125567728	rs3812471	8q24	8q24.13	RNF139,TATDN1	coding-synon	A G	0.511 0.541	0.0301	1.15	1.01	1.29
chr8	134690286	rs6471136	8q24	8q24.22			G A	0.206 0.233	0.0303	1.17	1.02	1.36
chr8	134422814	rs6986484	8q24	8q24.22			C A	0.012 0.019	0.0303	1.67	1.05	2.68
chr8	143055893	rs12676273	8q24	8q24.3			A G	0.088 0.106	0.0306	1.25	1.02	1.53
chr8	130523219	rs13269801	8q24	8q24.21		intron	G A	0.319 0.341	0.0307	1.15	1.01	1.32

chr8	139142000	rs10101858	8q24	8q24.23			A G	0.264 0.292	0.0309	1.16	1.01	1.32
chr8	129587463	rs1516980	8q24	8q24.21			A C	0.274 0.303	0.0310	1.16	1.01	1.32
chr8	119277028	rs2514981	8q24	8q24.12	SAMD12	UTR-3'	T C	0.344 0.375	0.0310	1.15	1.01	1.30
chr8	128656181	rs7814563	8q24	8q24.21			C T	0.477 0.509	0.0313	1.15	1.01	1.30
chr4	124007945	rs7694627	FGF2	4q28.1	FGF2	intron	T C	0.174 0.155	0.0315	0.83	0.70	0.98
chr8	133599217	rs2138248	8q24	8q24.22			T G	0.344 0.313	0.0318	0.87	0.76	0.99
chr8	132080461	rs9297816	8q24	8q24.22	ADCY8	intron	G A	0.376 0.342	0.0319	0.87	0.77	0.99
chr8	136937704	rs4909528	8q24	8q24.23			C T	0.047 0.058	0.0320	1.34	1.02	1.75
chr8	118212924	rs6469674	8q24	8q24.11	SLC30A8		A G	0.050 0.039	0.0321	0.71	0.52	0.97
chr8	126242064	rs6992545	8q24	8q24.13	NSMCE2	intron	C T	0.061 0.075	0.0322	1.29	1.02	1.63
chr8	141652078	rs13276958	8q24	8q24.3	EIF2C2	intron	T C	0.461 0.428	0.0322	0.88	0.78	0.99
chr8	123896230	rs16897499	8q24	8q24.13	ZHX2	intron	G A	0.120 0.099	0.0326	0.80	0.65	0.98
chr8	122040220	rs7824584	8q24	8q24.12			C T	0.459 0.425	0.0327	0.87	0.77	0.99
chr8	136592679	rs10104847	8q24	8q24.23	KHDRBS3	intron	T C	0.040 0.053	0.0328	1.37	1.03	1.82
chr8	144415762	rs3750213	8q24	8q24.3	ZFP41,GLI4	UTR-3'	G A	0.163 0.186	0.0331	1.19	1.01	1.40
chr8	134707440	rs3958181	8q24	8q24.22			C A	0.252 0.273	0.0332	1.16	1.01	1.33
chr8	136087112	rs7462529	8q24	8q24.22			T C	0.299 0.321	0.0336	1.15	1.01	1.31
chr8	129957976	rs7845615	8q24	8q24.21			T C	0.298 0.327	0.0337	1.15	1.01	1.31
chr9	100915610	rs10739778	TGFBR1	9q22.33	TGFBR1	intron	A C	0.341 0.310	0.0339	0.87	0.76	0.99
chr8	124585035	rs4870855	8q24	8q24.13	AK023391,FBXO3 2	intron	G A	0.082 0.065	0.0339	0.77	0.60	0.98
chr8	133465357	rs1457785	8q24	8q24.22	KCNQ3	intron	C T	0.343 0.316	0.0340	0.87	0.76	0.99
chr8	117791736	rs7846316	8q24	8q24.11	EIF3H	intron	T G	0.096 0.113	0.0340	1.24	1.02	1.51
chr8	125621457	rs7007115	8q24	8q24.13	TATDN1,NDUFB9, MTSS1	intron,near-gene- 5'	T C	0.490 0.460	0.0340	0.87	0.77	0.99
chr8	120667532	rs7341607	8q24	8q24.12	ENPP2	intron	G A	0.011 0.006	0.0340	0.46	0.22	0.96
chr8	138974478	rs9657451	8q24	8q24.23			G A	0.144 0.123	0.0341	0.82	0.68	0.99
chr8	140402258	rs994769	8q24	8q24.3			A G	0.163 0.189	0.0341	1.19	1.01	1.40
chr8	130251064	rs7823113	8q24	8q24.21			A G	0.434 0.464	0.0347	1.14	1.01	1.29
chr8	133177833	rs2469608	8q24	8q24.22			C T	0.292 0.263	0.0350	0.86	0.75	0.99
chr8	135842789	rs7842889	8q24	8q24.22			G A	0.271 0.300	0.0351	1.15	1.01	1.32
chr8	140300952	rs11775898	8q24	8q24.3			T C	0.479 0.509	0.0352	1.14	1.01	1.28
chr8	130748358	rs6985166	8q24	8q24.21			A G	0.321 0.289	0.0355	0.87	0.76	0.99
chr8	120445970	rs2326244	8q24	8q24.12			A G	0.235 0.264	0.0358	1.16	1.01	1.34
chr8	143478576	rs6583623	8q24	8q24.3	TSNARE1	intron	G A	0.183 0.155	0.0358	0.84	0.72	0.99
chr8	126741495	rs729005	8q24	8q24.13			T C	0.075 0.061	0.0358	0.77	0.60	0.98
chr8	135024658	rs12677718	8q24	8q24.22			C T	0.256 0.230	0.0359	0.86	0.74	0.99
chr8	141025287	rs2614754	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	T C	0.091 0.109	0.0360	1.25	1.01	1.53
chr8	126419388	rs7820471	8q24	8q24.13	NSMCE2	intron	T C	0.217 0.245	0.0361	1.17	1.01	1.34
chr8	141163986	rs13282606	8q24	8q24.3	TRAPPC9,AX7482 39	intron	C T	0.471 0.446	0.0362	0.87	0.77	0.99
chr8	129100916	rs2033098	8q24	8q24.21	PVT1		T C	0.406 0.437	0.0363	1.14	1.01	1.28

chr8	121995306	rs10110670	8q24	8q24.12			G A	0.390 0.358	0.0366	0.87	0.77	0.99
chr8	142752379	rs12547611	8q24	8q24.3			G A	0.201 0.232	0.0367	1.18	1.01	1.37
chr8	125531302	rs4132855	8q24	8q24.13	TRMT12,CR933665	near-gene-5'	T C	0.415 0.385	0.0367	0.87	0.77	0.99
chr8	144554846	rs4336628	8q24	8q24.3	RHPN1		C T	0.356 0.327	0.0367	0.87	0.77	0.99
chr8	132940790	rs11997238	8q24	8q24.22			A G	0.073 0.089	0.0370	1.27	1.01	1.59
chr8	125548844	rs4128468	8q24	8q24.13	TRMT12,CR933665,RNF139		C T	0.483 0.454	0.0372	0.88	0.78	0.99
chr8	137623388	rs2660666	8q24	8q24.23			G A	0.260 0.227	0.0372	0.85	0.74	0.99
chr8	133474641	rs2597356	8q24	8q24.22	KCNQ3	intron	G A	0.371 0.401	0.0374	1.14	1.01	1.29
chr8	139925468	rs4736293	8q24	8q24.23	COL22A1	intron	A G	0.040 0.030	0.0375	0.69	0.48	0.98
chr8	124849428	rs11987639	8q24	8q24.13	FAM91A1	near-gene-5'	C T	0.050 0.038	0.0378	0.72	0.52	0.98
chr8	119236783	rs7005426	8q24	8q24.12			G T	0.260 0.288	0.0380	1.15	1.01	1.32
chr8	128412048	rs17464492	8q24	8q24.21	DQ515898,DQ515899,DQ515897		A G	0.278 0.244	0.0381	0.86	0.75	0.99
chr8	125823030	rs1367500	8q24	8q24.13			A G	0.375 0.406	0.0381	1.14	1.01	1.30
chr8	128614565	rs6991990	8q24	8q24.21			C T	0.351 0.378	0.0382	1.14	1.01	1.30
chr8	141332051	rs11166964	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C T	0.122 0.104	0.0382	0.81	0.67	0.99
chr8	141025315	rs6995955	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	A G	0.392 0.421	0.0382	1.14	1.01	1.29
chr8	118145296	rs1505521	8q24	8q24.11	SLC30A8		C T	0.049 0.037	0.0383	0.71	0.51	0.98
chr8	144734218	rs1809148	8q24	8q24.3	GSDMD,pp14450,C8orf73,NAPRT1,EEF1D,BC034020	intron	C T	0.124 0.144	0.0384	1.20	1.01	1.43
chr8	137310055	rs16905528	8q24	8q24.23			T C	0.087 0.075	0.0384	0.79	0.62	0.99
chr8	142613592	rs2085841	8q24	8q24.3			G A	0.325 0.349	0.0385	1.15	1.01	1.30
chr8	125040636	rs11993947	8q24	8q24.13	FER1L6	intron	T G	0.407 0.378	0.0385	0.88	0.77	0.99
chr8	138933278	rs7386095	8q24	8q24.23			C T	0.487 0.514	0.0386	1.14	1.01	1.29
chr8	120469713	rs34112166	8q24	8q24.12			G A	0.239 0.213	0.0387	0.85	0.73	0.99
chr6	152066678	rs851982	ESR1	6q25.1	ESR1		T C	0.409 0.377	0.0389	0.88	0.77	0.99
chr8	143343792	rs12547214	8q24	8q24.3	TSNARE1	intron	G A	0.332 0.367	0.0392	1.15	1.01	1.31
chr8	142559302	rs2748416	8q24	8q24.3	FLJ43860	missense	A C	0.087 0.104	0.0393	1.24	1.01	1.52
chr8	130771993	rs16904143	8q24	8q24.21			G A	0.141 0.161	0.0397	1.19	1.01	1.40
chr8	119277119	rs2514742	8q24	8q24.12	SAMD12	UTR-3'	T G	0.344 0.374	0.0398	1.14	1.01	1.29
chr8	142602117	rs4907333	8q24	8q24.3			A G	0.121 0.143	0.0399	1.20	1.01	1.43
chr8	134696938	rs13264573	8q24	8q24.22			T G	0.503 0.480	0.0402	0.88	0.78	0.99
chr8	132213583	rs13270165	8q24	8q24.22			C T	0.447 0.414	0.0406	0.88	0.78	0.99
chr8	117886437	rs4876683	8q24	8q24.11			C T	0.585 0.554	0.0414	0.88	0.78	1.00
chr8	140994948	rs12548239	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C A	0.094 0.111	0.0415	1.23	1.01	1.50

chr8	144732707	rs4874156	8q24	8q24.3	GSDMD,pp14450, C8orf73,NAPRT1, EEF1D,BC034020	near-gene- 3',near-gene-5'	G A	0.083 0.099	0.0417	1.24	1.01	1.54
chr8	131373060	rs16904239	8q24	8q24.21	ASAP1,DDEF1,DD EF1IT1	intron	G A	0.211 0.237	0.0418	1.17	1.01	1.36
chr8	141618473	rs2977469	8q24	8q24.3	EIF2C2	intron	A G	0.465 0.439	0.0418	0.88	0.78	1.00
chr8	140943869	rs729855	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	G A	0.115 0.133	0.0420	1.21	1.01	1.45
chr8	137871996	rs3850500	8q24	8q24.23			G A	0.278 0.305	0.0422	1.14	1.00	1.30
chr8	135314442	rs7012883	8q24	8q24.22			T C	0.073 0.058	0.0427	0.77	0.60	0.99
chr8	135091149	rs13267601	8q24	8q24.22			G A	0.207 0.184	0.0428	0.85	0.73	1.00
chr8	145485228	rs11998675	8q24	8q24.3	BOP1,HSF1	intron,near-gene- 5'	A C	0.496 0.530	0.0430	1.14	1.00	1.29
chr8	142718373	rs7835431	8q24	8q24.3			C T	0.055 0.068	0.0431	1.29	1.01	1.66
chr8	141033298	rs2665919	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	C A	0.092 0.109	0.0437	1.23	1.01	1.50
chr8	118306187	rs10505309	8q24	8q24.11			T C	0.082 0.067	0.0438	0.78	0.61	0.99
chr8	140730467	rs2545457	8q24	8q24.3	KCNK9	intron	T C	0.387 0.415	0.0439	1.14	1.00	1.29
chr8	134392519	rs4736648	8q24	8q24.22			T C	0.372 0.338	0.0439	0.88	0.77	1.00
chr8	140490297	rs10435688	8q24	8q24.3			C T	0.229 0.251	0.0440	1.16	1.00	1.33
chr8	142260214	rs2278448	8q24	8q24.3	DENND3,KIAA087 0	intron	A C	0.378 0.348	0.0441	0.87	0.77	1.00
chr8	129935456	rs6995598	8q24	8q24.21			A G	0.192 0.211	0.0442	1.17	1.00	1.36
chr8	140745634	rs3780040	8q24	8q24.3	KCNK9	intron	A C	0.277 0.303	0.0444	1.14	1.00	1.31
chr8	142578462	rs2613636	8q24	8q24.3	FLJ43860	intron	C T	0.339 0.367	0.0444	1.14	1.00	1.29
chr8	134133955	rs2252553	8q24	8q24.22	TG,SLA,SLAP	intron	G T	0.444 0.421	0.0444	0.88	0.77	1.00
chr7	93894152	rs7805430	COL1A2	7q21.3	COL1A2	intron	G A	0.110 0.095	0.0447	0.81	0.66	1.00
chr8	140201796	rs11997682	8q24	8q24.3			C T	0.063 0.078	0.0451	1.26	1.00	1.58
chr8	119208566	rs13271779	8q24	8q24.12			A G	0.034 0.046	0.0452	1.36	1.01	1.85
chr8	137848567	rs2582475	8q24	8q24.23			G A	0.425 0.401	0.0452	0.88	0.78	1.00
chr8	123625681	rs4871275	8q24	8q24.13			T C	0.490 0.514	0.0453	1.13	1.00	1.28
chr20	2972070	rs6138991	GNRH2	20p13	PTPRA,GNRH2,M RPS26	near-gene-5'	A G	0.298 0.324	0.0456	1.14	1.00	1.30
chr8	144242199	rs6988480	8q24	8q24.3			A G	0.365 0.391	0.0456	1.14	1.00	1.29
chr8	137877363	rs2610104	8q24	8q24.23			C T	0.436 0.458	0.0460	1.13	1.00	1.27
chr8	134201994	rs3779951	8q24	8q24.22	TG	intron	G A	0.224 0.207	0.0460	0.85	0.73	1.00
chr8	137756720	rs894087	8q24	8q24.23			T C	0.278 0.304	0.0462	1.15	1.00	1.31
chr8	128959443	rs9656968	8q24	8q24.21	PVT1		C A	0.248 0.272	0.0462	1.15	1.00	1.32
chr8	140023493	rs13259487	8q24	8q24.3			C T	0.176 0.196	0.0465	1.17	1.00	1.37
chr8	134153982	rs2703004	8q24	8q24.22	TG,SLA,SLAP	intron	A G	0.458 0.434	0.0467	0.88	0.78	1.00
chr8	119978532	rs13279492	8q24	8q24.12			C T	0.147 0.126	0.0467	0.84	0.70	1.00
chr8	139744154	rs4549820	8q24	8q24.23	COL22A1	intron	G A	0.229 0.207	0.0467	0.86	0.74	1.00
chr8	142994970	rs7463711	8q24	8q24.3			A G	0.105 0.087	0.0472	0.80	0.64	1.00

chr8	125751030	rs7016031	8q24	8q24.13	MTSS1	intron	T C	0.061 0.073	0.0472	1.28	1.00	1.63
chr8	125628988	rs6987343	8q24	8q24.13	TATDN1,NDUFB9, MTSS1	intron	C A	0.488 0.458	0.0473	0.88	0.78	1.00
chr8	121345256	rs17833457	8q24	8q24.12	COL14A1	intron	T G	0.147 0.166	0.0476	1.18	1.00	1.39
chr8	132407635	rs10103835	8q24	8q24.22			T G	0.134 0.152	0.0477	1.19	1.00	1.41
chr8	140668408	rs2111573	8q24	8q24.3	KCNK9		G A	0.320 0.354	0.0477	1.14	1.00	1.30
chr8	142596655	rs7386137	8q24	8q24.3			G T	0.181 0.206	0.0479	1.16	1.00	1.35
chr8	138205118	rs7827430	8q24	8q24.23			A G	0.284 0.306	0.0481	1.14	1.00	1.31
chr8	132319825	rs6470909	8q24	8q24.22			G A	0.502 0.527	0.0482	1.13	1.00	1.29
chr8	141473511	rs7823724	8q24	8q24.3	TRAPPC9	intron	A G	0.016 0.024	0.0482	1.54	1.00	2.38
chr8	143488622	rs7387733	8q24	8q24.3	TSNARE1		C T	0.170 0.145	0.0484	0.84	0.71	1.00
chr8	120271074	rs16892216	8q24	8q24.12			G A	0.108 0.131	0.0485	1.20	1.00	1.45
chr8	138283160	rs9644431	8q24	8q24.23			T G	0.396 0.421	0.0487	1.13	1.00	1.28
chr8	130779820	rs4733723	8q24	8q24.21			C A	0.368 0.341	0.0490	0.88	0.77	1.00
chr6	152051947	rs3020333	ESR1	6q25.1	ESR1		A G	0.462 0.431	0.0490	0.88	0.78	1.00
chr8	133419508	rs1020740	8q24	8q24.22	KCNQ3	intron	G A	0.282 0.305	0.0491	1.14	1.00	1.31
chr8	133860293	rs988068	8q24	8q24.22	PHF20L1	intron	G A	0.351 0.376	0.0492	1.13	1.00	1.28
chr16	76258	rs2541622	MPG	16p13.3	MPG,C16orf35	near-gene- 3',UTR-3'	C T	0.162 0.179	0.0494	1.18	1.00	1.39
chr8	143382221	rs10102944	8q24	8q24.3	TSNARE1	intron	G A	0.547 0.508	0.0495	0.88	0.77	1.00
chr8	142599893	rs873225	8q24	8q24.3			T C	0.197 0.224	0.0497	1.16	1.00	1.33
chr8	138950621	rs1949141	8q24	8q24.23			T G	0.222 0.199	0.0498	0.86	0.74	1.00

Results are shown for SNPs in candidate genes with a P value <0.05 based on analysis of Stage I data (694 osteosarcoma cases and 2,703 cancer-free adult controls). We examined SNPs in the following candidate genes/regions: 8q24, APTX, COL1A1, COL1A2, CTGF, ESR1, FANCM, FAS, FGF2, FGFR3, GH1, GNRH2, IGF1, IGF2R, MDM2, MPG, PARP2, TERF1, TGFBR1, TNF-a (our study did not include SNPs in this gene), TP53, VDR, XRCC5.

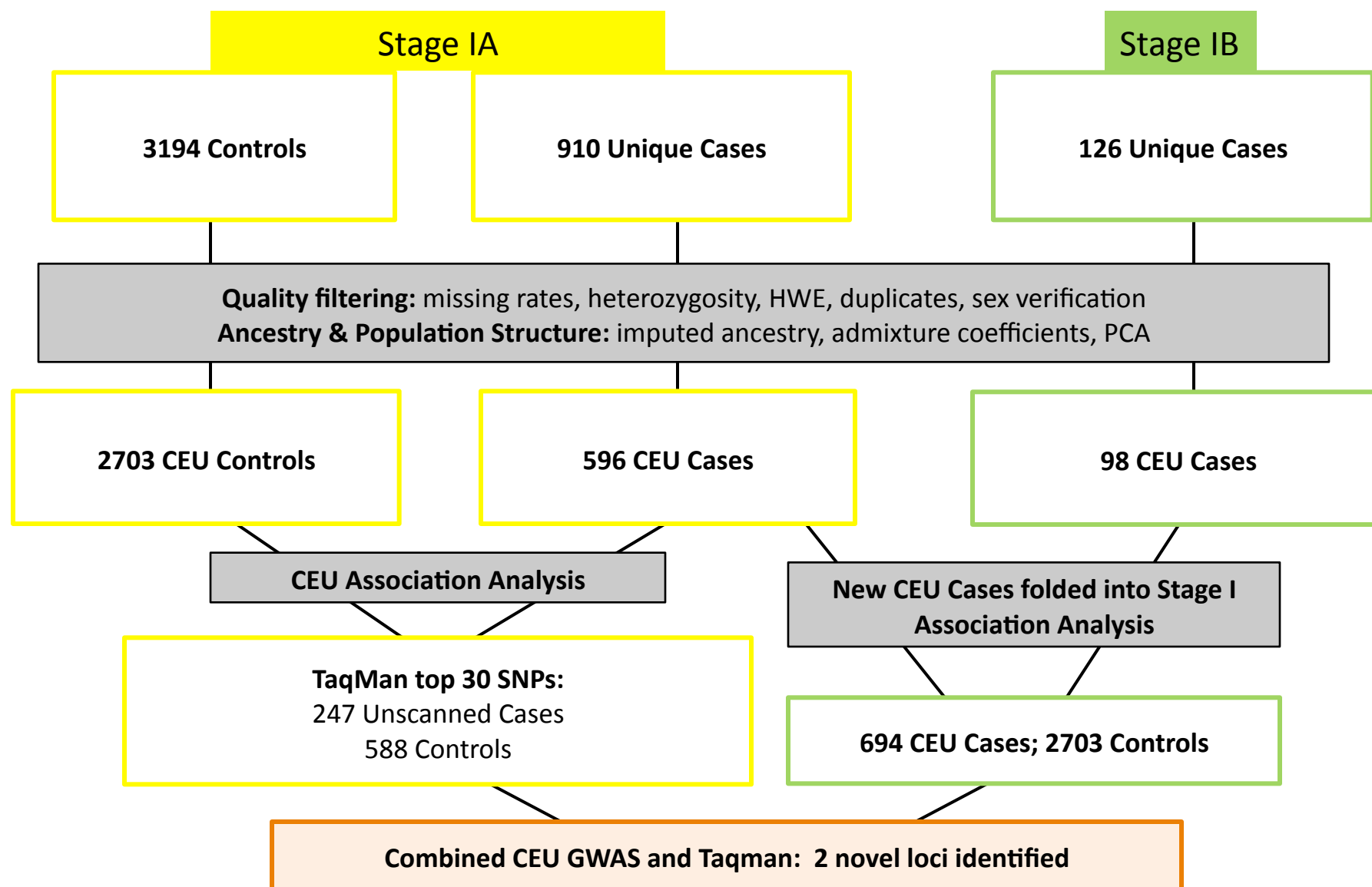
Abbreviations: OR, odds ratio; CI, confidence interval.

^a Build 36 position; ^b Reference/Effect alleles; ^c Minor allele frequency in controls/cases.

Supplementary Figure 1: Study Design of Osteosarcoma GWAS

Abbreviations: SPBC, Spanish Bladder Cancer study; CPSII, Cancer Prevention Study-II; EAGLE, WTCCC_UK, Wellcome Trust Case-Control Cohort-UK; PLCO, Prostate, Lung, Colorectal and Ovarian cancer screening trial; COG, Children's Oncology Group; RNOH/UCL_UK, Royal National Orthopaedic Hospital/University College London UK; CEU, CEPH European ancestry; AA, African American; NHS, Nurses Health Study; HSDM, Harvard School of Dental Medicine; *GRM4*, glutamate metabotropic

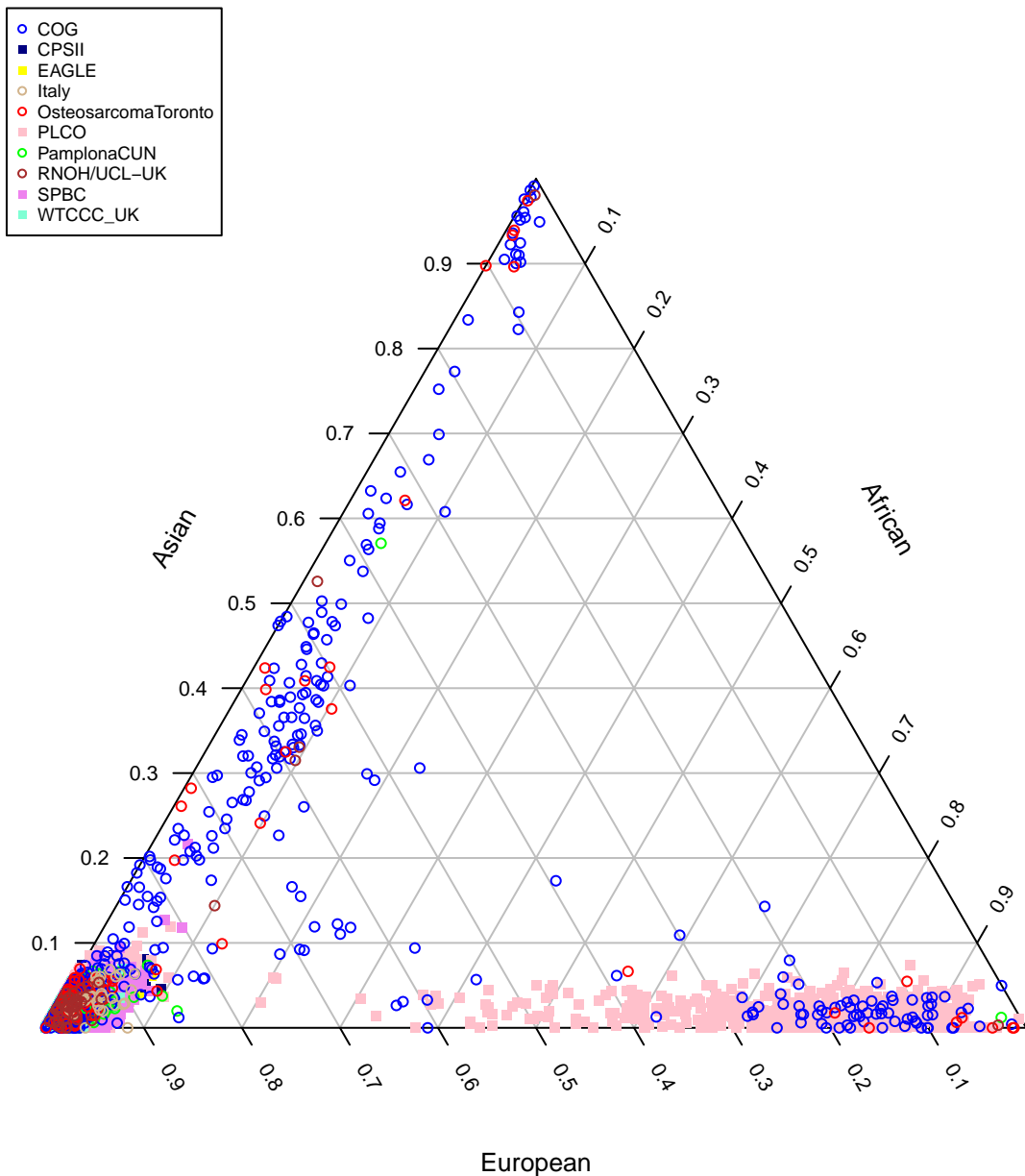
Supplementary Figure 1



Supplementary Figure 2: Plot of admixture by STRUCTURE analysis

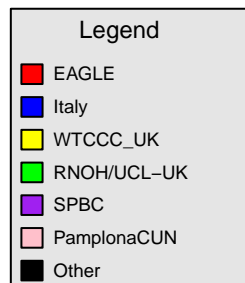
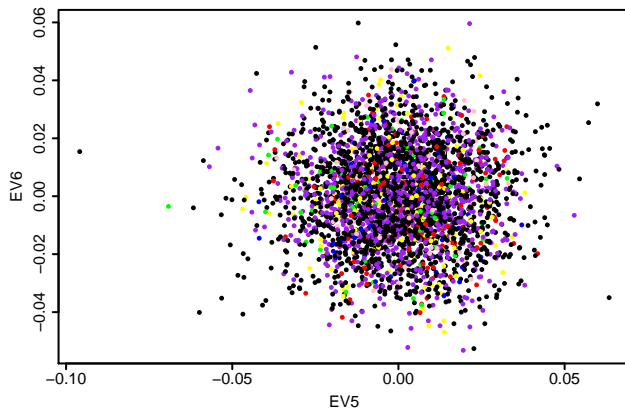
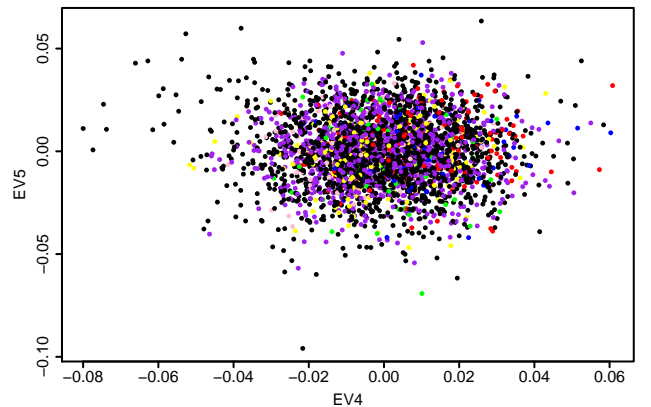
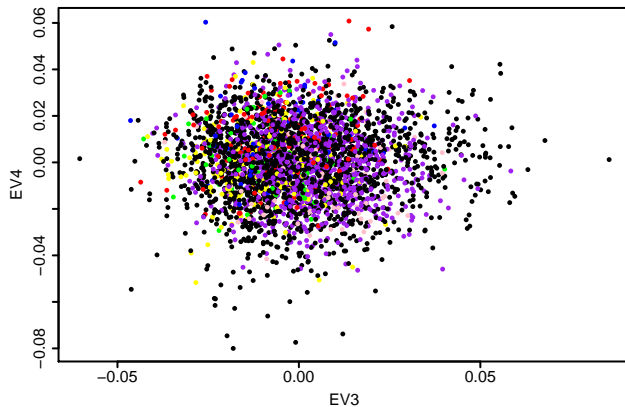
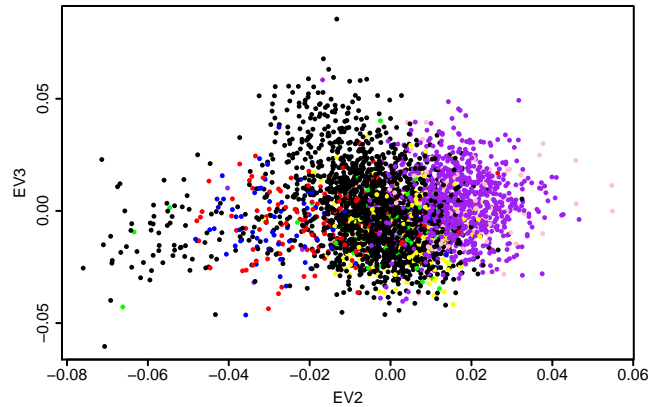
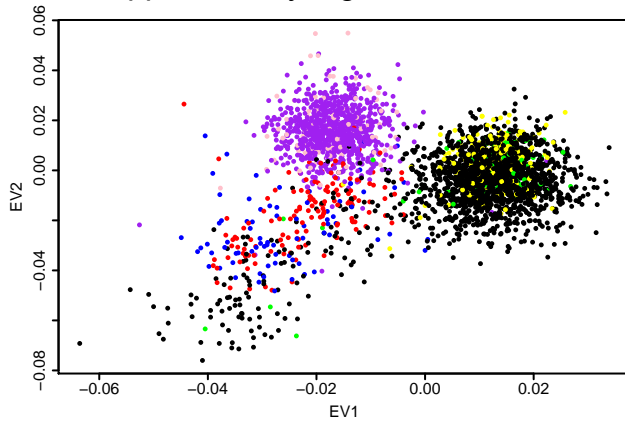
STRUCTURE analysis was conducted with uncorrelated 12,000 SNPs ($r^2 < 0.01$) using HapMap3 (CEU, YRI and CHN/JPN). See Online Methods for details

Supplementary Figure 2

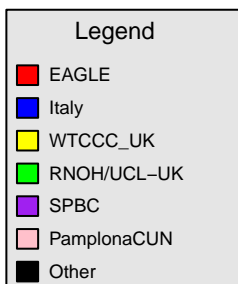
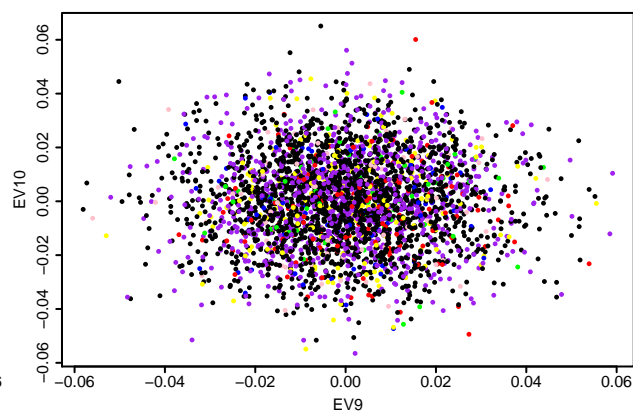
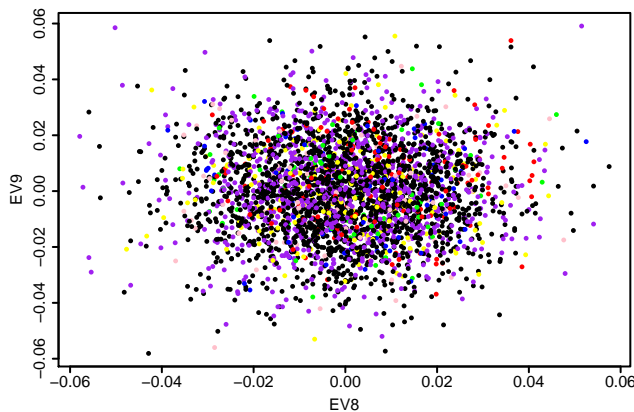
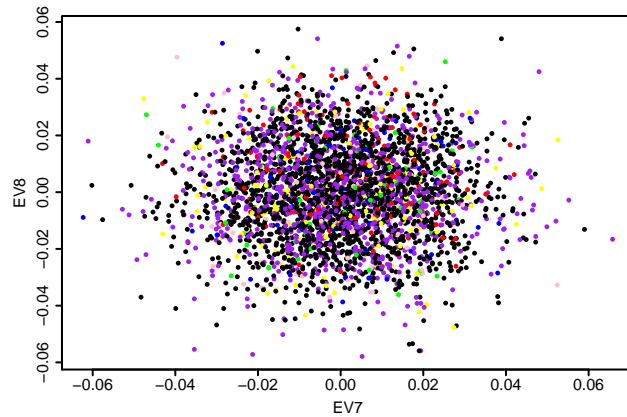
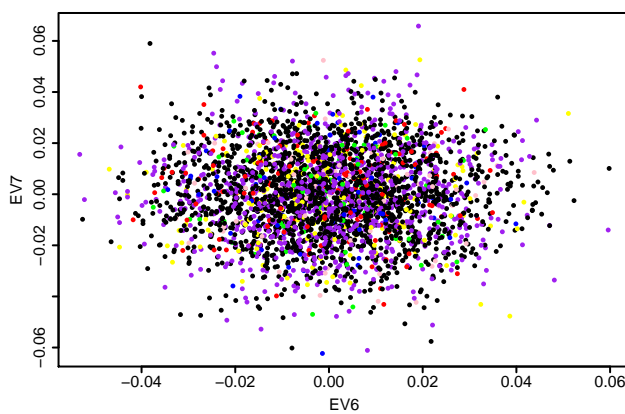


Supplementary Figure 3: Principle component analysis (PCA) of osteosarcoma study

Supplementary Figure 3



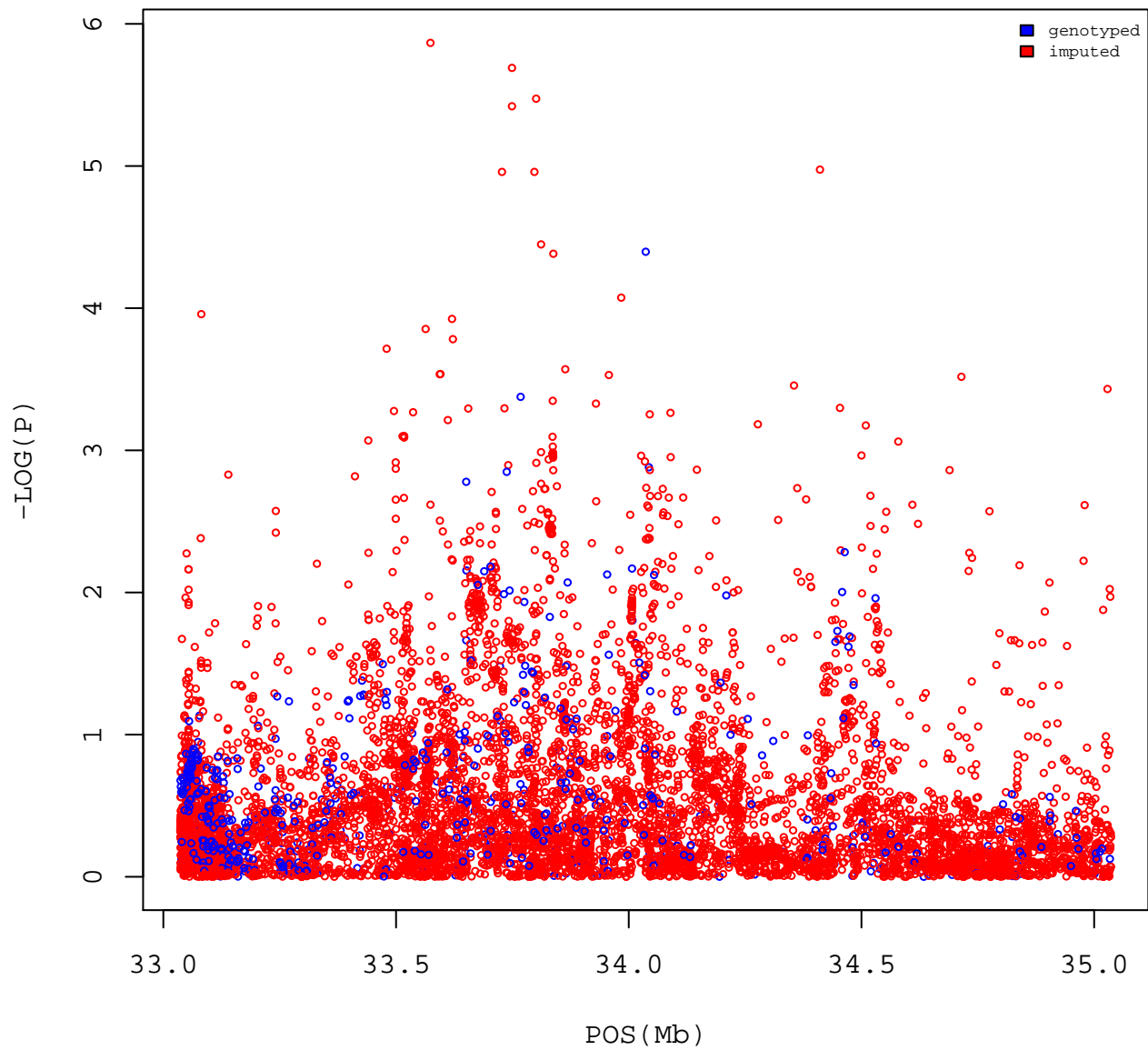
Supplementary Figure 3, continued



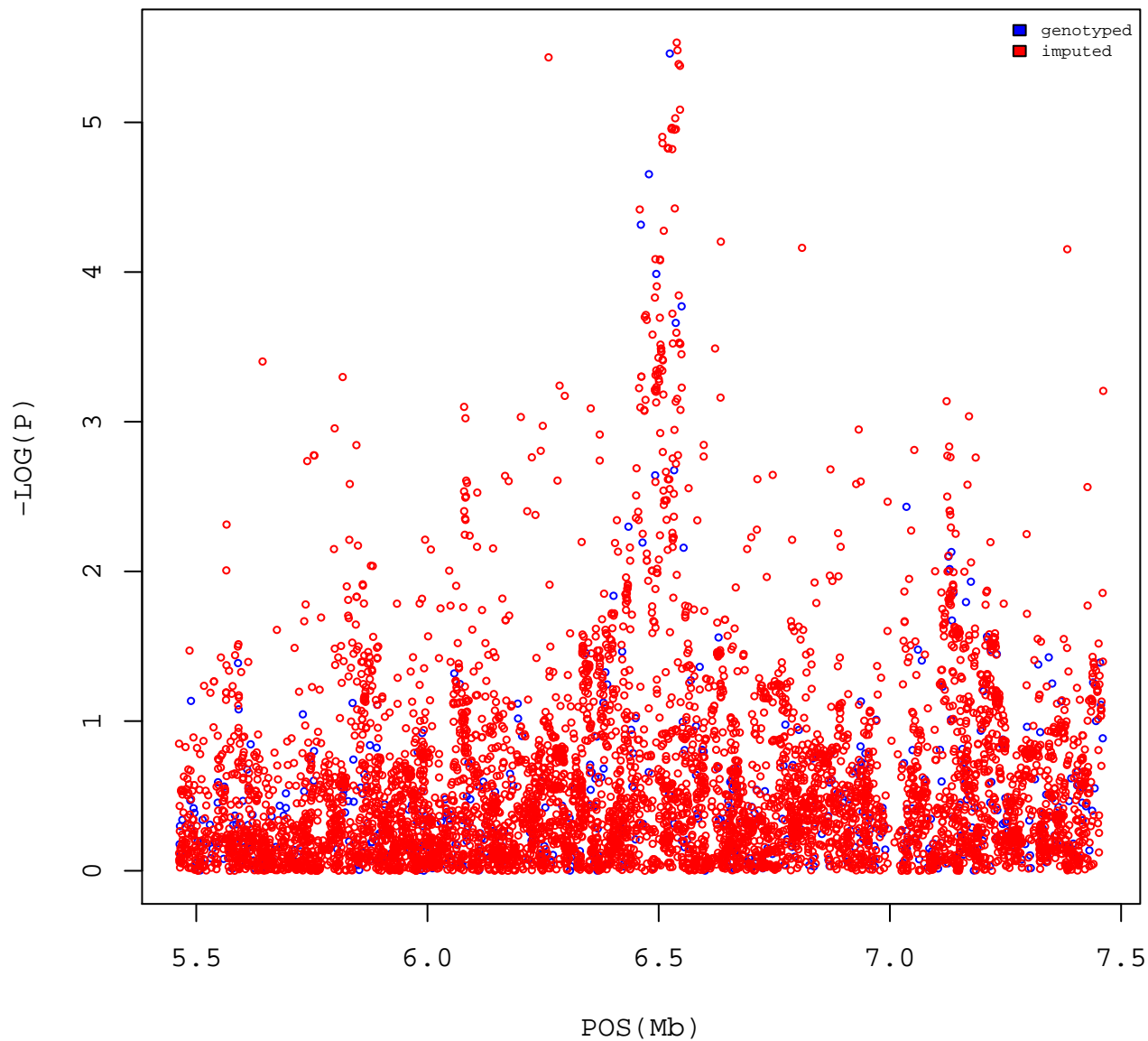
Supplementary Figure 4: Imputation analysis across reported new regions.

The $-\log_{10}(P)$ (Y axis) for both genotyped SNPs (blue) and imputed SNPs (red) was plotted against the genomic coordinates (X axis; NCBI genome build 37). The imputed signals in each of three regions showed no substantial improvements over the genotyped signals. (a) 6p21.3 region (chr6: 33,036,446 -35,036,446); (b) 2p25.2 region (chr2: 5,461,421-7,461,421); and (c) 5q12.3 region (chr5: 63,447,777- 65,447,777). Note that the SNP imputation for the HLA locus may not be reliable mainly because there is extended long range LD in this region.

Supplementary Figure 4a



Supplementary Figure 4b



Supplementary Figure 4c

