Table S1. Genome-wide significant SNPs in the GWASs reported by Yue et al.[1] and Shi et al.[2]

CHR	SNP	Allele	Frequency	Case	Control	P-value	OR	Ref.
6	rs1233710	T/C	0.350	4,773	7,207	4.76×10^{-11}	0.79	1
6	rs1635	A/C	0.350	4,773	7,207	6.91×10^{-12}	0.78	1
6	rs2142731	G/A	0.242	4,773	7,207	5.14×10^{-10}	0.79	1
11	rs11038167	A/C	0.375	4,773	7,207	1.09×10^{-11}	1.29	1
11	rs11038172	A/G	0.399	4,773	7,207	7.21×10^{-10}	1.25	1
11	rs835784	A/G	0.249	4,773	7,207	2.73×10^{-11}	1.27	1
1	rs10489202	T/G	0.131	8,133	11,007	9.50×10^{-09}	1.23	2
8	rs16887244	G/A	0.326	8,133	11,007	1.27×10^{-10}	0.84	2
8	rs1488935	A/G	0.320	8,133	11,007	5.06×10^{-09}	0.85	2

The frequency is based on the first allele.
Abbreviation:
CHR, chromosome; SNP, single nucleotide polymorphism; OR, odds ratio; Ref., references.

Table S2. Genome-wide significant SNPs in the GWASs reported by Li et al.[3] and Yu et al.[4]

CHR	SNP	Allele	Frequency	Case	Control	P-value	OR	Ref.
2	rs1518395	A/G	0.308	12,083	24,097	3.78×10^{-13}	0.862	3
2	rs78681500	T/C	0.063	12,083	24,097	3.08×10^{-10}	0.751	3
3	rs2073499	A/G	0.312	12,083	24,097	2.61×10^{-08}	0.899	3
6	rs111782145	C/T	0.037	12,083	24,097	1.80×10^{-08}	0.813	3
6	rs7757969	C/T	0.269	12,083	24,097	4.82×10^{-08}	1.110	3
6	rs4479915	G/C	0.254	12,083	24,097	4.82×10^{-09}	0.876	3
7	rs11534004	G/A	0.334	12,083	24,097	1.71×10^{-08}	0.890	3
2	rs1051061	G/A	0.412	8,723	12,813	1.14×10^{-10}	1.17	4
6	rs115070292	G/A	0.136	8,723	12,813	4.96×10^{-10}	0.77	4
10	rs10883795	C/T	0.496	8,723	12,813	7.94×10^{-10}	0.87	4
10	rs10883765	C/T	0.449	8,723	12,813	3.06×10^{-09}	0.87	4

The frequency is based on the first allele.
Abbreviation:
CHR, chromosome; SNP, single nucleotide polymorphism; OR, odds ratio; Ref., references.

Table S3. "Leave-one-out'' sensitivity analysis for meta-analysis

Excluded study	Remaining sample size		Heterogeneity	Random effect model			Fixed effect model		
	Case	Control		OR	95%CIs	Meta *P* value	OR	95%CIs	Meta *P* value
Shi, 2011a	10,590	13,881	p=0.250, I^2=21.7%	1.124	1.053-1.198	4.00×10^{-4}	1.132	1.074-1.194	4.03×10^{-6}
Shi, 2011b	9,957	15,810	p=0.092, I^2=41.4%	1.133	1.048-1.226	1.81×10^{-3}	1.148	1.086-1.215	1.37×10^{-6}
Ma, 2012	13,364	19,306	p=0.089, I^2=41.7%	1.149	1.071-1.233	1.13×10^{-4}	1.165	1.111-1.223	4.97×10^{-10}
Jin, 2013	13,247	19,327	p=0.743, I^2=0	1.185	1.129-1.244	6.42×10^{-12}	1.185	1.129-1.244	6.42×10^{-12}
Wong, 2013	13,842	18,324	p=0.089, I^2=41.7%	1.149	1.073-1.231	7.19×10^{-5}	1.164	1.110-1.221	3.39×10^{-10}
Saito, 2014	13,308	19,356	p=0.093, I^2=41.1%	1.136	1.060-1.218	3.31×10^{-4}	1.156	1.102-1.213	3.64×10^{-9}
Guan, 2015	12,869	18,821	p=0.111, I^2=38.6%	1.154	1.076-1.238	6.33×10^{-5}	1.171	1.115-1.230	3.39×10^{-10}
Li, 2016a	14,040	20,049	p=0.085, I^2=42.4%	1.141	1.066-1.221	1.33×10^{-4}	1.159	1.106-1.215	7.75×10^{-10}
Li, 2016b	13,940	19,949	p=0.081, I^2=43.0%	1.146	1.070-1.227	1.04×10^{-4}	1.162	1.108-1.218	4.66×10^{-10}
Current	13,903	18,318	p=0.081, I^2=43.0%	1.140	1.062-1.223	2.83×10^{-4}	1.159	1.105-1.216	1.74×10^{-9}

Table S4. Association of rs10489202 with nearby gene expression in the lymphoblastoid cell lines from 85 East Asian individuals[5]

	Beta estimate	Standard error	T-value	P-value
CD247	-0.00302	0.0361	-0.0837	0.934
CREG1	-0.0306	0.0730	-0.419	0.676
RCSD1	0.0232	0.0803	0.289	0.774
MPZL1	0.00714	0.0541	0.132	0.895
ADCY10	0.000448	0.0158	0.0283	0.977
MPC2	-0.0232	0.0671	-0.346	0.730
DCAF6	0.0505	0.0632	0.797	0.427
GPR161	-0.0278	0.0192	-1.443	0.153
TIPRL	-0.313	0.0868	-3.605	0.000567
SFT2D2	-0.00534	0.0264	-0.202	0.840
TBX19	0.0486	0.0278	1.747	0.0848

References

1. Yue WH, Wang HF, Sun LD, Tang FL, Liu ZH, Zhang HX *et al.* Genome-wide association study identifies a susceptibility locus for schizophrenia in Han Chinese at 11p11.2. *Nat Genet* 2011; **43**(12)**:** 1228-31.
2. Shi Y, Li Z, Xu Q, Wang T, Li T, Shen J *et al.* Common variants on 8p12 and 1q24.2 confer risk of schizophrenia. *Nat Genet* 2011; **43**(12)**:** 1224-7.
3. Li Z, Chen J, Yu H, He L, Xu Y, Zhang D *et al.* Genome-wide association analysis identifies 30 new susceptibility loci for schizophrenia. *Nat Genet* 2017; **49**(11)**:** 1576-83.
4. Yu H, Yan H, Li J, Li Z, Zhang X, Ma Y *et al.* Common variants on 2p16.1, 6p22.1 and 10q24.32 are associated with schizophrenia in Han Chinese population. *Mol Psychiatry* 2017; **22**(7)**:** 954-60.
5. Stranger BE, Montgomery SB, Dimas AS, Parts L, Stegle O, Ingle CE *et al.* Patterns of cis regulatory variation in diverse human populations. *PLoS Genet* 2012; **8**(4)**:** e1002639.

Table S5. Functional prediction analysis of the SNPs in high LD with rs10489202 (r2>0.8) using the GWAVA dataset (http://www.sanger.ac.uk/sanger/StatGen_Gwava)

#	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
ID	rs2420	rs17556487	rs10489202	rs1846416	rs4656564	rs7535138	rs2272911	rs718885	rs149912	rs12404574	rs4657727	rs12727036	rs1060041	rs7538581	rs12408205	rs17557135	rs17557162	rs11587594	rs66950781	rs17485889	rs4657730
Chromosome	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Position	167,886,502	167,889,094	167,903,079	167,905,411	167,928,992	167,931,462	167,936,302	167,954,659	167,957,803	167,961,235	167,965,241	167,972,147	167,973,976	167,979,347	167,982,332	167,985,888	167,985,950	167,989,180	168,018,779	168,018,840	168,072,738
Region score	0.59	0.35	0.45	0.57	0.29	0.3	0.32	0.29	0.3	0.46	0.32	0.16	0.44	0.43	0.33	0.41	0.33	0.38	0.36	0.49	0.15
TSS score	0.55	0.14	0.27	0.36	0.06	0.09	0.08	0.25	0.09	0.06	0.12	0.01	0.3	0.11	0.1	0.11	0.13	0.14	0.07	0.09	0.21
Unmatched score	0.62	0.19	0.6	0.89	0.05	0.04	0.14	0.2	0.1	0.08	0.09	0.08	0.5	0.04	0.22	0.17	0.13	0.35	0.03	0.1	0.22
Average GERP	0.01334	-0.16541	-0.02107	-0.8374	0.12297	0.10577	-0.41347	-0.09049	-0.25916	-0.46098	0.26551	-0.04055	2.05732	-0.09049	-0.05581	0.56409	0.03975	-0.48486	-0.01168	-0.10122	-1.28459
Average DAF	0.00026	0.00087	0.00026	0.00031	0.00111	0.00024	0.00124	0.00072	0.00182	0.00023	0.00119	0.00156	0.00032	0.00106	0.00028	0.00041	0.0004	0.00029	0.00049	0.00049	0.00087
Average het	0.00046	0.00039	0.00045	0.00055	0.00053	0.00041	0.00042	0.00127	0.00105	0.00037	0.00069	0.00221	0.00056	0.00051	0.00048	0.00068	0.00066	0.00052	0.00085	0.00084	0.00124
GERP	-0.423	-0.771	1.17	-8.04	0.185	0.311	1.76	-0.241	-2.5	-6.41	1.33	-1.77	2.24	-0.717	-0.877	-1.51	1.61	-4.7	-0.451	1.32	-0.884
%GC	43.6%	36.6%	32.7%	73.3%	26.7%	35.6%	20.8%	44.6%	31.7%	33.7%	24.8%	32.7%	47.5%	37.6%	25.7%	27.7%	20.8%	33.7%	54.5%	36.6%	50.5%
TSS distance	-3048	-5640	-1941	-100	-8735	-6265	-1425	-13238	-10094	-6662	-2656	4248	6077	-5777	-2792	762	824	4054	4459	4520	1408
SS distance	-1095	-120	-1889	58	-6872	-4402	340	-2071	954	655	2560	331	-55	5313	-2684	696	758	272	-1348	-1287	-974
ACCEPTOR	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ATF3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BATF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BCL11A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BCL3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BCLAF1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BDP1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BHLHE40	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BRCA1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BRF1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BRF2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CCNT2	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CDS	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
CEBPB	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CHD2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CTBP2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CTCF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CTCFL	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CTCF_REG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
DNase	6	-	-	116	-	-	-	2	-	-	-	-	3	-	-	-	-	2	-	-	1
DONOR	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E2F1	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E2F4	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
E2F6	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
EBF1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
EGR1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ELF1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ELK4	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ENH	1	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Table S5. Functional prediction analysis of the SNPs in high LD with rs10489202 (r2>0.8) using the GWAVA dataset (http://www.sanger.ac.uk/sanger/StatGen_Gwava)

#	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
ID	rs2420	rs17556487	rs10489202	rs1846416	rs4656564	rs7535138	rs2272911	rs718885	rs149912	rs12404574	rs4657727	rs12727036	rs1060041	rs7538581	rs12408205	rs17557135	rs17557162	rs11587594	rs66950781	rs17485889	rs4657730
EP300	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ERALPHAA	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ESRRA	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ETS1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
EXON	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1	-	-	-
Eralphaa	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
FAIRE	1	-	1	18	-	2	-	2	-	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
FAM48A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
FOS	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
FOSL1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
FOSL2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
FOXA1	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
FOXA2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GABPA	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GATA1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
GATA2	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GATA3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GTF2B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GTF2F1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
GTF3C2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H2AFZ	-	-	-	6	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
H3K27ac	1	-	7	10	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H3K27me3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
H3K36me3	7	2	-	-	-	-	5	4	-	11	5	5	13	-	8	5	5	16	4	4	6
H3K4me1	-	-	6	-	-	-	-	3	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
H3K4me2	-	-	13	13	-	-	-	2	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H3K4me3	-	-	10	13	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H3K79me2	-	1	6	5	5	4	2	3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H3K9ac	-	1	9	13	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
H3K9me1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H3K9me3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
H4K20me1	-	-	1	1	2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HDAC2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HDAC8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HEY1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HMGN3	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HNF4A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HNF4G	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HSF1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
INTRON	-	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	-	1	1	1	1	1	1	1	1
IRF1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Table S5. Functional prediction analysis of the SNPs in high LD with rs10489202 (r2>0.8) using the GWAVA dataset (http://www.sanger.ac.uk/sanger/StatGen_Gwava)

#	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
ID	rs2420	rs17556487	rs10489202	rs1846416	rs4656564	rs7535138	rs2272911	rs718885	rs149912	rs12404574	rs4657727	rs12727036	rs1060041	rs7538581	rs12408205	rs17557135	rs17557162	rs11587594	rs66950781	rs17485889	rs4657730
IRF3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
IRF4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
JUN	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
JUNB	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
JUND	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
KAT2A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MAFF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MAFK	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MAX	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MEF2A	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MEF2_complex	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MXI1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MYC	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NANOG	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NFE2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NFKB1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NFYA	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NFYB	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NR2C2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NR3C1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NR4A1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NRF1	-	-	-	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PAX5	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PBX3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
POLR2A	-	-	-	4	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
POLR2A_elongatin	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
POLR3A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
POU2F2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
POU5F1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PPARGC1A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PRDM1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RAD21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RDBP	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
REP	1	2	1	-	2	2	1	-	2	1	3	2	-	1	2	1	1	-	1	1	3
REST	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RFX5	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RXRA	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SETDB1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIN3A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIRT6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIX5	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Table S5. Functional prediction analysis of the SNPs in high LD with rs10489202 (r2>0.8) using the GWAVA dataset (http://www.sanger.ac.uk/sanger/StatGen_Gwava)

#	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
ID	rs2420	rs17556487	rs10489202	rs1846416	rs4656564	rs7535138	rs2272911	rs718885	rs149912	rs12404574	rs4657727	rs12727036	rs1060041	rs7538581	rs12408205	rs17557135	rs17557162	rs11587594	rs66950781	rs17485889	rs4657730
SLC22A2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SMARCA4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SMARCB1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SMARCC1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SMARCC2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SMC3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SP1	1	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SP2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SPI1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SREBF1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SREBF2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SRF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
START	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
STAT1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
STAT2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
STAT3	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
STOP	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SUZ12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TAF1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TAF7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TAL1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TBP	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TCF12	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TCF7L2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TFAP2A	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TFAP2C	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
THAP1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TRAN	4	4	-	-	4	4	5	4	4	5	3	4	6	5	4	5	5	6	5	5	2
TRIM28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TSS	-	-	-	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TSS_FLANK	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
USF1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
USF2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
UTR3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
UTR5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
WEAK_ENH	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
WRNIP1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
XRCC4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
YY1	-	-	-	9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ZBTB33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ZBTB7A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Table S5. Functional prediction analysis of the SNPs in high LD with rs10489202 (r2>0.8) using the GWAVA dataset (http://www.sanger.ac.uk/sanger/StatGen_Gwava)

#	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
ID	rs2420	rs17556487	rs10489202	rs1846416	rs4656564	rs7535138	rs2272911	rs718885	rs149912	rs12404574	rs4657727	rs12727036	rs1060041	rs7538581	rs12408205	rs17557135	rs17557162	rs11587594	rs66950781	rs17485889	rs4657730
ZEB1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ZNF143	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ZNF263	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ZNF274	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ZZZ3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
bound_motifs	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
cpg_island	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
dnase_fps	1	-	-	29	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
in_cpg	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
pwm	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
repeat	1	-	-	-	1	1	-	1	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	1	-	-
seq_A	1	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-	1	-	1	1	1	-	1	-	-	1
seq_C	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-
seq_G	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
seq_T	-	1	-	-	1	1	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-