

Table S1: 277 CpG sites (FDR<0.2) whose DNA methylation levels were significantly different between obese and non-obese group.

ID	UCSC_REFGENE_NAME	Mean_NonObese	SD Non-Obese	Mean_Obese	SD Obese	t	df	p.value	FDR	Mean difference (obese-nonobese)	Cohen's d
cg16507569	COL11A2	0.840	0.164	0.515	0.012	9.972	26.332	<0.001	<0.001	-0.324	2.208
cg27289463		0.264	0.090	0.432	0.029	7.710	21.432	<0.001	0.001	0.169	2.061
cg25013753	ARHGAP22	0.465	0.318	0.035	0.013	6.877	25.396	<0.001	0.001	-0.430	1.508
cg19697575		0.596	0.366	0.103	0.065	6.354	28.996	<0.001	0.002	-0.493	1.494
cg26935333		0.397	0.075	0.293	0.020	6.023	24.897	<0.001	0.007	-0.104	1.539
cg14007688	DBH	0.577	0.290	0.898	0.011	5.620	25.354	<0.001	0.009	0.321	1.232
cg22459517	EPS8L1	0.631	0.194	0.851	0.014	5.680	26.244	<0.001	0.009	0.220	1.257
cg25813936	GNE	0.793	0.081	0.886	0.012	5.523	28.621	<0.001	0.009	0.093	1.268
cg00320354	TSPAN5	0.758	0.178	0.963	0.027	5.538	28.730	<0.001	0.009	0.204	1.276
cg08282428	RBM46	0.680	0.070	0.580	0.022	5.897	21.332	<0.001	0.009	-0.100	1.578
cg10977910	TTL7	0.387	0.137	0.143	0.057	6.584	14.768	<0.001	0.011	-0.244	1.960
cg27413643	ANKRD27;RGS9BP	0.301	0.195	0.092	0.014	5.381	26.266	<0.001	0.012	-0.209	1.191
cg06549275	ASAP2	0.638	0.067	0.723	0.019	5.441	24.041	<0.001	0.012	0.085	1.406
cg26658743		0.747	0.060	0.665	0.020	5.651	20.755	<0.001	0.012	-0.083	1.524
cg05248234	FSCN2	0.505	0.372	0.114	0.037	5.228	27.163	<0.001	0.013	-0.391	1.169
cg00340052	AGAP1	0.819	0.052	0.719	0.024	6.692	12.601	<0.001	0.013	-0.100	2.099
cg19181528		0.732	0.142	0.891	0.032	5.066	27.809	<0.001	0.017	0.159	1.239
cg01835922		0.354	0.309	0.042	0.004	5.144	25.035	<0.001	0.018	-0.312	1.124
cg03877767	GREB1	0.712	0.072	0.615	0.024	5.374	19.827	<0.001	0.020	-0.096	1.468
cg07248242	TSPAN9	0.608	0.085	0.522	0.014	4.825	28.978	<0.001	0.024	-0.086	1.126
cg00152799	TXNL1	0.353	0.065	0.251	0.027	5.749	14.814	<0.001	0.024	-0.102	1.710
cg06916011	EPS8L1	0.297	0.062	0.361	0.012	4.803	28.884	<0.001	0.025	0.064	1.141

cg21158163		0.759	0.144	0.909	0.029	4.799	28.690	<0.001	0.025	0.150	1.149
cg21040096	RPH3AL	0.781	0.150	0.931	0.027	4.715	28.985	<0.001	0.027	0.150	1.111
cg09949906	HLA-DRB1	0.598	0.333	0.937	0.065	4.732	28.798	<0.001	0.027	0.338	1.129
cg14377951	GSTM5	0.335	0.090	0.438	0.026	4.890	23.595	<0.001	0.027	0.103	1.271
cg01520956	FAM47E	0.451	0.058	0.519	0.017	4.902	22.919	<0.001	0.028	0.068	1.285
cg23336892		0.421	0.214	0.214	0.032	4.662	28.697	<0.001	0.028	-0.207	1.073
cg05808124		0.824	0.076	0.897	0.011	4.660	28.743	<0.001	0.028	0.074	1.074
cg10764750		0.630	0.115	0.771	0.038	4.952	20.259	<0.001	0.031	0.141	1.345
cg06508867		0.304	0.073	0.227	0.018	4.650	26.485	<0.001	0.033	-0.076	1.162
cg26590106	HLA-DRB1	0.574	0.347	0.240	0.063	4.522	28.978	<0.001	0.036	-0.334	1.067
cg27112983		0.755	0.167	0.926	0.040	4.574	27.036	<0.001	0.036	0.171	1.134
cg20756026	HEXDC	0.618	0.244	0.839	0.011	4.591	25.537	<0.001	0.036	0.221	1.008
cg07618759	COL4A2	0.577	0.312	0.859	0.023	4.554	26.327	<0.001	0.036	0.282	1.008
cg06052372		0.649	0.302	0.923	0.011	4.608	25.362	<0.001	0.036	0.274	1.010
cg11317459		0.106	0.107	0.010	0.009	4.521	26.654	<0.001	0.037	-0.096	1.005
cg11251367	FMN2	0.327	0.334	0.029	0.009	4.531	25.179	<0.001	0.038	-0.298	0.991
cg07437923	DNAJA3	0.319	0.325	0.029	0.014	4.528	25.459	<0.001	0.038	-0.290	0.993
cg05834845	MUC4	0.702	0.193	0.885	0.038	4.418	28.821	<0.001	0.039	0.183	1.053
cg27362989	HLA-DRB5	0.527	0.298	0.104	0.128	5.179	14.218	<0.001	0.039	-0.423	1.560
cg23477460		0.168	0.062	0.108	0.014	4.367	27.908	<0.001	0.045	-0.060	1.066
cg05545777		0.424	0.074	0.502	0.022	4.493	23.204	<0.001	0.046	0.078	1.173
cg15586842	ANXA8L2	0.796	0.109	0.923	0.038	4.642	19.234	<0.001	0.048	0.127	1.279
cg12112110	TNXB;TNXB	0.590	0.066	0.505	0.026	4.832	15.803	<0.001	0.051	-0.085	1.409
cg13752114	MUC4	0.833	0.146	0.960	0.016	4.281	27.429	<0.001	0.054	0.126	0.961
cg04417708	ZZEF1	0.758	0.200	0.928	0.010	4.318	25.632	<0.001	0.054	0.170	0.949

cg05276469		0.301	0.180	0.146	0.021	4.245	27.864	<0.001	0.055	-0.155	0.959
cg23153338	OR52I1	0.610	0.058	0.669	0.017	4.357	23.260	<0.001	0.056	0.059	1.137
cg12077433	SCHIP1	0.660	0.264	0.884	0.020	4.250	26.313	<0.001	0.057	0.223	0.941
cg17876294		0.539	0.157	0.406	0.012	4.249	26.443	<0.001	0.057	-0.133	0.942
cg01943931		0.581	0.284	0.824	0.033	4.209	27.755	<0.001	0.057	0.243	0.950
cg07099606		0.850	0.124	0.953	0.007	4.215	25.848	<0.001	0.057	0.103	0.928
cg05130642	EPPK1	0.547	0.371	0.857	0.024	4.226	25.998	<0.001	0.057	0.311	0.932
cg02132667		0.474	0.072	0.413	0.009	4.164	27.919	<0.001	0.057	-0.061	0.942
cg15602423	HLA-DRB1	0.552	0.328	0.835	0.052	4.143	28.900	<0.001	0.057	0.283	0.961
cg12733396	COL9A2	0.788	0.083	0.860	0.014	4.138	28.978	<0.001	0.057	0.072	0.966
cg04422742	HLA-DRB6	0.528	0.250	0.307	0.046	4.149	28.970	<0.001	0.057	-0.221	0.979
cg10434728	IQGAP1	0.686	0.062	0.630	0.013	4.175	28.420	<0.001	0.057	-0.056	1.008
cg24629711	MUSTN1	0.736	0.210	0.910	0.014	4.179	26.136	<0.001	0.058	0.174	0.923
cg10204320	MTMR9L	0.506	0.066	0.564	0.013	4.122	28.850	<0.001	0.058	0.058	0.981
cg04222842	SRP9	0.150	0.057	0.099	0.013	4.130	27.952	<0.001	0.059	-0.052	1.007
cg11404906	HLA-DRB1	0.632	0.346	0.934	0.064	4.100	28.969	<0.001	0.059	0.302	0.968
cg18111114	HLA-DRB5	0.165	0.192	0.007	0.010	4.162	25.668	<0.001	0.060	-0.158	0.915
cg21792493		0.484	0.273	0.263	0.010	4.112	25.359	<0.001	0.061	-0.221	0.901
cg00861214	CRIL	0.596	0.262	0.809	0.014	4.116	25.695	<0.001	0.061	0.213	0.905
cg10306192	MMP27	0.272	0.321	0.010	0.009	4.138	25.213	<0.001	0.061	-0.261	0.906
cg18578876	GPR109B	0.768	0.134	0.878	0.014	4.078	27.283	<0.001	0.061	0.110	0.914
cg01736133		0.660	0.086	0.732	0.012	4.080	28.551	<0.001	0.061	0.073	0.935
cg18918831	MUC4	0.683	0.165	0.842	0.046	4.136	24.331	<0.001	0.061	0.159	1.065
cg22984586	CCR5	0.350	0.199	0.551	0.062	4.205	21.975	<0.001	0.061	0.201	1.116
cg17715141		0.623	0.077	0.541	0.026	4.289	20.044	<0.001	0.061	-0.082	1.168
cg07839457	NLRC5	0.434	0.073	0.353	0.026	4.396	18.065	<0.001	0.061	-0.081	1.233

cg06711418	MT2A	0.287	0.178	0.142	0.017	4.046	26.958	<0.001	0.065	-0.145	0.903
cg07741840	KDM2B	0.608	0.290	0.841	0.016	4.054	25.763	<0.001	0.066	0.232	0.892
cg19491478		0.666	0.072	0.749	0.028	4.402	16.665	<0.001	0.066	0.082	1.264
cg13905298		0.756	0.227	0.937	0.008	4.048	25.346	<0.001	0.068	0.181	0.887
cg19353052	DTX1	0.696	0.257	0.901	0.014	4.033	25.749	<0.001	0.068	0.205	0.887
cg11466708	C22orf43	0.685	0.211	0.855	0.022	3.995	27.319	<0.001	0.068	0.170	0.895
cg24340935		0.369	0.058	0.304	0.022	4.346	16.982	<0.001	0.068	-0.065	1.241
cg10632894	HLA-DRB1	0.744	0.256	0.946	0.013	4.005	25.608	<0.001	0.071	0.203	0.880
cg25550823		0.753	0.235	0.938	0.006	4.003	25.155	<0.001	0.072	0.185	0.876
cg01414268		0.259	0.134	0.141	0.031	3.957	27.473	<0.001	0.072	-0.118	0.974
cg22627029	HLA-DRB6	0.304	0.333	0.042	0.020	3.965	25.892	0.001	0.073	-0.261	0.874
cg13910785	HLA-DRB1	0.350	0.422	0.018	0.020	3.984	25.576	<0.001	0.073	-0.332	0.875
cg17745575	FAM106A	0.608	0.233	0.793	0.027	3.903	27.764	0.001	0.073	0.184	0.881
cg24233293		0.672	0.123	0.770	0.015	3.910	27.991	0.001	0.073	0.098	0.886
cg05653481	LOC645332	0.740	0.120	0.836	0.016	3.917	28.259	0.001	0.073	0.096	0.892
cg13522370		0.514	0.322	0.772	0.048	3.879	28.716	0.001	0.073	0.259	0.893
cg12890750	VTRNA1-2	0.474	0.164	0.606	0.025	3.895	28.777	0.001	0.073	0.132	0.899
cg15251140		0.586	0.332	0.855	0.049	3.905	28.698	0.001	0.073	0.269	0.899
cg01310397	MUC4	0.800	0.097	0.879	0.016	3.886	28.914	0.001	0.073	0.079	0.902
cg19218082	COL4A2	0.673	0.280	0.902	0.049	3.870	29.000	0.001	0.073	0.229	0.908
cg17479576	FAM160A1	0.829	0.138	0.956	0.037	3.980	25.103	0.001	0.073	0.127	1.014
cg12252547	MAL2	0.426	0.181	0.593	0.051	3.969	24.073	0.001	0.073	0.167	1.025
cg14785464	HLCS	0.490	0.087	0.374	0.041	4.623	12.269	0.001	0.073	-0.116	1.463
cg07415359	LDHC	0.819	0.071	0.875	0.009	3.857	28.272	0.001	0.076	0.056	0.878

cg26036029	HLA-DRB1	0.848	0.101	0.929	0.016	3.851	28.898	0.001	0.076	0.081	0.893
cg09399716		0.610	0.167	0.748	0.033	3.846	28.797	0.001	0.076	0.138	0.917
cg23490161	SDHA;CCDC127	0.126	0.150	0.011	0.002	3.905	25.069	0.001	0.076	-0.115	0.853
cg12109260		0.901	0.058	0.781	0.041	5.578	7.579	0.001	0.076	-0.120	2.208
cg08950364		0.643	0.216	0.810	0.022	3.856	27.192	0.001	0.076	0.168	0.863
cg13275603	ENC1	0.276	0.080	0.358	0.028	4.061	18.738	0.001	0.080	0.082	1.127
cg13176198		0.851	0.079	0.749	0.037	4.506	12.295	0.001	0.080	-0.102	1.425
cg13554818	PHLDB3	0.602	0.081	0.674	0.021	3.856	25.615	0.001	0.080	0.072	0.976
cg27057480	ARHGAP22	0.343	0.212	0.148	0.062	3.907	23.264	0.001	0.080	-0.196	1.020
cg05308244	RIMBP2	0.643	0.321	0.886	0.017	3.839	25.714	0.001	0.081	0.243	0.844
cg13017022	ZMAT2	0.709	0.301	0.941	0.034	3.806	27.666	0.001	0.081	0.232	0.857
cg16095660	PGAP2	0.840	0.083	0.908	0.017	3.792	28.555	0.001	0.081	0.068	0.912
cg24960960	SDHAP3	0.121	0.149	0.008	0.006	3.839	25.376	0.001	0.081	-0.113	0.841
cg25210835	GSTM5	0.300	0.160	0.482	0.066	4.227	15.026	0.001	0.081	0.182	1.251
cg07582993	UBOX5;FASTKD5	0.524	0.082	0.448	0.024	3.892	22.859	0.001	0.081	-0.076	1.021
cg22999099	BOK	0.906	0.100	0.984	0.014	3.763	28.606	0.001	0.083	0.078	0.863
cg06627617	ASAP2	0.498	0.116	0.631	0.049	4.228	14.649	0.001	0.083	0.133	1.262
cg04335714		0.471	0.065	0.523	0.012	3.748	28.937	0.001	0.084	0.052	0.887
cg27378537	SDHAP3	0.152	0.120	0.062	0.005	3.802	25.500	0.001	0.084	-0.090	0.835
cg14398295		0.658	0.089	0.560	0.036	4.129	15.712	0.001	0.085	-0.098	1.206
cg21167402	SDHAP3	0.170	0.165	0.044	0.021	3.746	28.095	0.001	0.085	-0.126	0.850
cg14317230	MTDH	0.932	0.056	0.991	0.021	4.037	17.201	0.001	0.085	0.059	1.148
cg09858108		0.437	0.106	0.294	0.054	4.526	11.151	0.001	0.085	-0.144	1.484
cg08422420	SDHAP3	0.133	0.170	0.006	0.003	3.781	25.056	0.001	0.086	-0.126	0.826
cg15048554	BTBD11	0.225	0.256	0.035	0.017	3.763	26.080	0.001	0.086	-0.191	0.831
cg10395519	MTHFD1L	0.830	0.059	0.889	0.021	3.962	18.637	0.001	0.086	0.059	1.101

cg21931717	SDHAP3	0.089	0.118	0.001	0.002	3.773	25.106	0.001	0.086	-0.087	0.825
cg24875593	PDXK	0.891	0.094	0.962	0.010	3.732	27.510	0.001	0.086	0.071	0.839
cg17369694	HLA-DRB5	0.304	0.363	0.037	0.019	3.739	25.672	0.001	0.086	-0.268	0.822
cg08578320	HLA-DRB1	0.680	0.297	0.902	0.030	3.717	27.216	0.001	0.086	0.222	0.832
cg06488536		0.530	0.063	0.482	0.011	3.689	28.999	0.001	0.086	-0.049	0.865
cg06085042	MIR570	0.719	0.168	0.854	0.035	3.705	28.543	0.001	0.086	0.135	0.891
cg07341007	MUC4	0.699	0.126	0.803	0.029	3.706	27.670	0.001	0.086	0.104	0.909
cg11274172	UVRAG	0.620	0.065	0.677	0.018	3.776	24.298	0.001	0.086	0.057	0.972
cg09476440	KIAA1324	0.796	0.139	0.942	0.054	4.023	16.557	0.001	0.086	0.146	1.157
cg26839410	NTM	0.792	0.187	0.930	0.014	3.720	26.313	0.001	0.087	0.138	0.824
cg26472636	SDHAP3	0.198	0.169	0.072	0.017	3.705	27.269	0.001	0.087	-0.126	0.830
cg08778598	SDHAP3	0.158	0.200	0.013	0.005	3.701	25.193	0.001	0.091	-0.145	0.810
cg15706692		0.170	0.198	0.026	0.006	3.701	25.218	0.001	0.091	-0.144	0.810
cg02305164	ATP8B3	0.756	0.232	0.925	0.008	3.711	25.301	0.001	0.091	0.169	0.813
cg03398919		0.655	0.263	0.847	0.016	3.690	25.911	0.001	0.091	0.192	0.813
cg07093060		0.740	0.212	0.577	0.036	3.651	28.970	0.001	0.091	-0.163	0.851
cg01099512	CTSG	0.254	0.059	0.301	0.012	3.650	28.644	0.001	0.091	0.047	0.875
cg17646820		0.248	0.062	0.194	0.018	3.736	23.869	0.001	0.091	-0.054	0.967
cg21805179	MPHOSPH9	0.254	0.088	0.176	0.026	3.754	22.919	0.001	0.091	-0.078	0.984
cg19466822	BCL11B	0.539	0.105	0.447	0.031	3.725	23.425	0.001	0.093	-0.092	0.970
cg06721546	SDHAP3	0.142	0.111	0.061	0.007	3.672	25.921	0.001	0.093	-0.081	0.810
cg25140213	HLA-DRB6	0.442	0.313	0.206	0.048	3.626	28.797	0.001	0.093	-0.236	0.837
cg23914255	AACS	0.750	0.210	0.906	0.027	3.619	28.229	0.001	0.094	0.155	0.823
cg19774683	HLA-DRB6	0.357	0.419	0.046	0.055	3.624	28.244	0.001	0.094	-0.311	0.825
cg23643375	SP6	0.734	0.158	0.860	0.034	3.624	28.172	0.001	0.094	0.126	0.880
cg26299084	PRDM8	0.324	0.081	0.230	0.036	4.115	13.444	0.001	0.094	-0.093	1.262
cg00819048		0.762	0.220	0.920	0.011	3.652	25.618	0.001	0.095	0.159	0.802

cg02423105	CDH26	0.189	0.080	0.102	0.034	3.991	14.705	0.001	0.099	-0.087	1.190
cg01010328	TTC24	0.310	0.069	0.388	0.030	4.043	13.955	0.001	0.099	0.077	1.225
cg27283514		0.748	0.056	0.659	0.035	4.688	8.731	0.001	0.099	-0.089	1.713
cg07100532	ENOSF1	0.853	0.089	0.715	0.054	4.651	8.844	0.001	0.100	-0.139	1.689
cg04996388	MYADML2	0.880	0.117	0.965	0.012	3.582	27.404	0.001	0.102	0.085	0.804
cg23667563		0.799	0.195	0.942	0.026	3.570	28.326	0.001	0.102	0.143	0.814
cg27149073	SDHAP3	0.191	0.164	0.074	0.010	3.599	25.941	0.001	0.102	-0.117	0.793
cg16854281		0.615	0.158	0.735	0.028	3.554	28.993	0.001	0.102	0.119	0.836
cg05531409	CPNE4	0.713	0.249	0.890	0.016	3.581	25.995	0.001	0.106	0.177	0.790
cg03987818		0.747	0.265	0.935	0.017	3.571	26.048	0.001	0.108	0.188	0.788
cg17626301	TAP1	0.418	0.094	0.337	0.028	3.638	22.469	0.001	0.108	-0.081	0.959
cg12434901	KCNH6	0.632	0.323	0.860	0.018	3.559	25.788	0.001	0.111	0.227	0.783
cg09139047	HLA-DRB1	0.683	0.349	0.930	0.026	3.552	26.316	0.001	0.111	0.247	0.786
cg19961153	ALPPL2	0.437	0.301	0.648	0.010	3.563	25.307	0.001	0.111	0.211	0.780
cg01341801	HLA-DRB5	0.301	0.375	0.038	0.024	3.538	26.005	0.002	0.114	-0.263	0.781
cg14210114	IGSF8	0.875	0.099	0.945	0.007	3.507	26.356	0.002	0.120	0.069	0.777
cg05237260		0.370	0.103	0.482	0.045	3.908	13.672	0.002	0.120	0.112	1.192
cg19409579	PRDM8	0.341	0.103	0.195	0.060	4.366	9.384	0.002	0.120	-0.146	1.540
cg12639429	TTC39C	0.581	0.070	0.514	0.026	3.706	17.527	0.002	0.121	-0.067	1.048
cg24913825		0.452	0.080	0.371	0.033	3.800	15.392	0.002	0.121	-0.082	1.117
cg20052865	SNORD114-1	0.700	0.052	0.631	0.028	4.230	10.132	0.002	0.122	-0.069	1.442
cg10187601	ST7	0.805	0.143	0.913	0.031	3.460	28.070	0.002	0.124	0.108	0.842
cg16034541	MUC4	0.634	0.197	0.789	0.050	3.482	26.330	0.002	0.124	0.155	0.872
cg16819848	ZFYVE28	0.451	0.259	0.231	0.080	3.549	22.084	0.002	0.126	-0.220	0.940
cg01033205		0.808	0.186	0.935	0.012	3.465	26.027	0.002	0.130	0.128	0.765
cg13202221	TM2D3	0.467	0.052	0.403	0.027	4.068	10.972	0.002	0.130	-0.064	1.342

cg09858862	ID3	0.751	0.083	0.811	0.014	3.420	28.983	0.002	0.130	0.060	0.799
cg14408831		0.713	0.297	0.915	0.010	3.462	25.309	0.002	0.131	0.202	0.758
cg08914678	PDIA2	0.596	0.258	0.774	0.026	3.434	27.302	0.002	0.131	0.178	0.770
cg00138041	PRDM8	0.698	0.080	0.587	0.047	4.281	9.277	0.002	0.131	-0.112	1.519
cg01882774	OTUB2	0.797	0.134	0.891	0.018	3.417	28.300	0.002	0.131	0.094	0.778
cg22961278	PRDM8	0.366	0.089	0.276	0.037	3.746	14.984	0.002	0.131	-0.090	1.110
cg01124477		0.757	0.060	0.689	0.029	3.937	12.106	0.002	0.131	-0.068	1.252
cg08241318		0.602	0.059	0.647	0.014	3.415	27.501	0.002	0.133	0.045	0.840
cg03605463		0.884	0.094	0.968	0.032	3.559	19.574	0.002	0.134	0.083	0.976
cg03372334	MBNL2	0.692	0.324	0.913	0.027	3.418	26.607	0.002	0.134	0.221	0.759
cg26969150	POTEA	0.777	0.153	0.881	0.013	3.418	26.716	0.002	0.134	0.104	0.760
cg02276823	MMD2	0.507	0.087	0.435	0.026	3.476	22.549	0.002	0.136	-0.072	0.915
cg18713687	MUC4	0.846	0.083	0.912	0.022	3.426	25.055	0.002	0.137	0.066	0.873
cg23489137	RBMS1	0.699	0.114	0.600	0.038	3.524	20.258	0.002	0.137	-0.099	0.957
cg14199961		0.289	0.057	0.170	0.048	4.938	6.450	0.002	0.137	-0.119	2.195
cg20741528	CCDC127;SDHA	0.103	0.076	0.052	0.004	3.411	25.597	0.002	0.137	-0.051	0.749
cg03224005		0.706	0.273	0.890	0.017	3.403	25.949	0.002	0.137	0.184	0.750
cg13633881	ADAMTS13	0.768	0.183	0.894	0.021	3.386	27.660	0.002	0.137	0.126	0.763
cg01517384	HLA-B	0.394	0.070	0.314	0.034	3.918	11.626	0.002	0.137	-0.081	1.265
cg12420107	VTRNA1-1	0.344	0.123	0.432	0.023	3.358	28.950	0.002	0.139	0.088	0.794
cg03721887	CTDP1	0.668	0.361	0.908	0.010	3.397	25.217	0.002	0.139	0.241	0.743
cg00247094	TBC1D16	0.745	0.214	0.890	0.020	3.376	26.990	0.002	0.139	0.145	0.754
cg03226114		0.512	0.077	0.439	0.030	3.615	16.316	0.002	0.139	-0.073	1.044
cg02157827	FLOT1;IER3	0.212	0.103	0.324	0.047	3.791	12.977	0.002	0.139	0.111	1.177
cg05865327	PPP2R5C	0.763	0.189	0.889	0.014	3.369	26.263	0.002	0.140	0.126	0.745

cg04173211	IL16	0.871	0.123	0.953	0.011	3.359	26.753	0.002	0.140	0.083	0.747
cg08912652	SNX19	0.831	0.211	0.973	0.018	3.366	26.689	0.002	0.140	0.142	0.749
cg24450063	SLC25A44	0.250	0.121	0.334	0.017	3.341	28.614	0.002	0.140	0.083	0.767
cg19596870	SERPINB6	0.661	0.298	0.868	0.047	3.334	28.865	0.002	0.140	0.207	0.772
cg12333160		0.148	0.096	0.079	0.020	3.341	28.343	0.002	0.140	-0.070	0.808
cg01446217	ERMP1	0.287	0.066	0.346	0.024	3.538	18.146	0.002	0.140	0.059	0.991
cg04227007	LOC284412	0.749	0.195	0.884	0.029	3.332	28.688	0.002	0.141	0.135	0.766
cg09834503		0.531	0.069	0.474	0.022	3.445	21.190	0.002	0.141	-0.058	0.924
cg19290738	AP3D1	0.346	0.087	0.248	0.042	3.832	11.959	0.002	0.141	-0.098	1.224
cg08474748		0.499	0.082	0.403	0.042	3.891	11.168	0.002	0.142	-0.096	1.275
cg11861387	PPYR1	0.268	0.234	0.112	0.019	3.345	26.510	0.002	0.143	-0.156	0.742
cg24824686	PTPRE	0.713	0.066	0.766	0.020	3.402	22.675	0.002	0.143	0.053	0.894
cg09885502	GNAS	0.553	0.292	0.127	0.185	4.242	8.434	0.003	0.144	-0.426	1.579
cg04995300		0.248	0.068	0.196	0.018	3.351	24.978	0.003	0.147	-0.052	0.855
cg10983013		0.778	0.155	0.889	0.032	3.302	28.490	0.003	0.147	0.111	0.796
cg14293674		0.769	0.215	0.911	0.012	3.330	25.775	0.003	0.149	0.142	0.733
cg22676075		0.579	0.123	0.498	0.011	3.298	26.937	0.003	0.154	-0.081	0.736
cg25010115	MYADML2	0.896	0.080	0.950	0.012	3.275	28.649	0.003	0.154	0.054	0.753
cg05524354	PTPRE	0.641	0.084	0.714	0.030	3.443	18.899	0.003	0.154	0.073	0.953
cg03847896		0.585	0.149	0.771	0.082	3.950	9.964	0.003	0.154	0.185	1.356
cg01760090		0.574	0.101	0.465	0.048	3.731	12.211	0.003	0.154	-0.109	1.183
cg10648815	LAIR2	0.564	0.079	0.629	0.025	3.363	21.878	0.003	0.156	0.064	0.894
cg11881038	OPRM1	0.712	0.229	0.861	0.012	3.300	25.644	0.003	0.156	0.149	0.725
cg17763566	HLA-DPB2	0.765	0.184	0.885	0.011	3.295	25.906	0.003	0.156	0.120	0.726
cg10601372	WDR18	0.903	0.132	0.989	0.009	3.287	26.074	0.003	0.156	0.086	0.726

cg13318793	HLA-DRB5	0.875	0.095	0.947	0.026	3.305	24.844	0.003	0.156	0.073	0.845
cg04235768	PRDM8	0.238	0.065	0.143	0.042	4.206	8.117	0.003	0.156	-0.096	1.599
cg08861434		0.772	0.222	0.923	0.034	3.253	28.818	0.003	0.156	0.150	0.752
cg03623097	ARMS2	0.548	0.081	0.641	0.042	3.799	11.029	0.003	0.157	0.093	1.251
cg20735041	MUSTN1	0.812	0.087	0.755	0.009	3.264	27.181	0.003	0.157	-0.057	0.730
cg08564027		0.913	0.082	0.808	0.047	3.972	9.416	0.003	0.157	-0.105	1.399
cg11187245	HLA-B	0.599	0.067	0.540	0.025	3.436	17.582	0.003	0.160	-0.059	0.971
cg07684647		0.679	0.351	0.904	0.006	3.272	25.065	0.003	0.163	0.225	0.715
cg27041096	COLEC10	0.667	0.071	0.597	0.031	3.571	13.838	0.003	0.163	-0.070	1.085
cg11265839	ELK3	0.707	0.075	0.788	0.036	3.690	11.927	0.003	0.163	0.081	1.180
cg25106783	PRR4;TAS2R43;PRH1	0.716	0.077	0.779	0.025	3.348	20.356	0.003	0.163	0.063	0.908
cg11752699	HLA-DRB6	0.414	0.260	0.233	0.053	3.219	28.625	0.003	0.164	-0.181	0.773
cg16514085	HLA-DRB1	0.384	0.352	0.668	0.399	4.060	8.519	0.003	0.164	0.436	0.819
cg21457401	PNLDC1	0.444	0.065	0.391	0.021	3.321	21.307	0.003	0.164	-0.053	0.889
cg00236261	CCDC3	0.883	0.103	0.954	0.021	3.208	28.722	0.003	0.165	0.071	0.767
cg21698879	HLA-DRB5	0.830	0.112	0.919	0.035	3.308	21.747	0.003	0.165	0.089	0.880
cg06679334		0.449	0.071	0.381	0.030	3.502	14.792	0.003	0.165	-0.068	1.042
cg04566512		0.829	0.064	0.747	0.037	3.924	9.316	0.003	0.165	-0.082	1.389
cg23318020		0.384	0.109	0.302	0.030	3.256	24.491	0.003	0.165	-0.082	0.836
cg17416722	HLA-DRB1	0.201	0.230	0.055	0.008	3.238	25.290	0.003	0.166	-0.147	0.709
cg00440797	HLA-DRB5	0.247	0.225	0.099	0.030	3.202	28.362	0.003	0.166	-0.148	0.731
cg27639721	ATHL1	0.269	0.070	0.196	0.033	3.618	12.466	0.003	0.166	-0.073	1.139
cg11620135	BAIAP2	0.825	0.176	0.937	0.010	3.228	25.790	0.003	0.167	0.112	0.711
cg24506197	PTPRN2	0.379	0.066	0.435	0.023	3.333	19.492	0.003	0.167	0.055	0.915
cg07668501		0.228	0.080	0.134	0.043	3.796	10.165	0.003	0.167	-0.095	1.293
cg23352245		0.903	0.127	0.984	0.005	3.228	25.346	0.003	0.168	0.081	0.707
cg23170091	MUC4	0.681	0.083	0.758	0.034	3.446	15.521	0.003	0.168	0.077	1.010

cg10104420	HLA-DRB6	0.790	0.134	0.877	0.017	3.189	28.084	0.003	0.169	0.087	0.724
cg16268937		0.683	0.340	0.898	0.008	3.213	25.157	0.004	0.173	0.214	0.703
cg24947637		0.784	0.188	0.912	0.037	3.170	28.817	0.004	0.173	0.128	0.755
cg03466717	ZNF423	0.643	0.075	0.696	0.018	3.179	27.129	0.004	0.176	0.053	0.787
cg17597639	SDHAP3	0.134	0.072	0.089	0.004	3.190	25.819	0.004	0.177	-0.045	0.702
cg01682111	UNKL	0.403	0.078	0.332	0.031	3.390	15.694	0.004	0.182	-0.070	0.990
cg11821245	LDHC	0.621	0.236	0.770	0.019	3.164	26.491	0.004	0.183	0.149	0.702
cg07414525	CHL1	0.628	0.067	0.550	0.037	3.735	10.027	0.004	0.183	-0.078	1.279
cg00935504	HAGH	0.601	0.066	0.737	0.060	4.541	6.033	0.004	0.183	0.136	2.143
cg26655517		0.355	0.097	0.254	0.047	3.578	11.776	0.004	0.183	-0.102	1.149
cg10947831		0.319	0.213	0.502	0.080	3.317	17.177	0.004	0.188	0.183	0.944
cg17201438	UBE2O	0.680	0.077	0.628	0.015	3.122	28.694	0.004	0.190	-0.052	0.747
cg13896699	DNAH5	0.670	0.155	0.794	0.053	3.243	19.789	0.004	0.191	0.125	0.886
cg23432430		0.786	0.245	0.939	0.016	3.136	26.014	0.004	0.195	0.153	0.692
cg06379361		0.098	0.128	0.018	0.007	3.133	25.815	0.004	0.197	-0.080	0.690
cg24932660	CD164L2	0.492	0.057	0.535	0.017	3.165	23.179	0.004	0.197	0.043	0.827
cg06307913	PRDM8	0.483	0.080	0.389	0.045	3.690	9.809	0.004	0.197	-0.094	1.276
cg01567173		0.909	0.066	0.967	0.026	3.319	16.051	0.004	0.197	0.058	0.963
cg02527811	C2orf54	0.748	0.176	0.857	0.016	3.111	26.853	0.004	0.198	0.110	0.693
cg03030267	GNASAS;MIR298;MIR296	0.461	0.098	0.400	0.010	3.102	27.086	0.004	0.198	-0.061	0.693
cg25170017	EHD1	0.325	0.086	0.262	0.024	3.134	24.501	0.004	0.198	-0.063	0.805
cg04523090		0.676	0.083	0.590	0.041	3.515	11.633	0.004	0.198	-0.086	1.134
cg06373870	PRDM8	0.542	0.075	0.439	0.049	3.884	8.178	0.004	0.198	-0.103	1.470
cg11438287	COL4A2	0.779	0.179	0.213	0.242	4.981	4.882	0.004	0.198	-0.566	3.096