

Table S2. A total of 300 candidate genes showing an association with AD at $P_{BH} < 0.01$

gene symbol	gene ID	SetSize	P	P_{BH}	P_{bon}
<i>MLKL</i>	197259	6	2.09E-06	0.010	0.010
<i>DNAH8</i>	1769	13	1.87E-05	0.030	0.092
<i>TTN</i>	7273	88	2.38E-05	0.030	0.117
<i>TRPM1</i>	4308	6	2.75E-05	0.030	0.135
<i>SH3RF2</i>	153769	8	3.10E-05	0.030	0.152
<i>OSBPL5</i>	114879	2	4.71E-05	0.039	0.232
<i>LRBA</i>	987	8	6.22E-05	0.039	0.306
<i>GLCCI1</i>	113263	2	6.71E-05	0.039	0.330
<i>FAM13A</i>	10144	3	7.23E-05	0.039	0.355
<i>RASGRF2</i>	5924	3	0.0001	0.049	0.494
<i>PDS5B</i>	23047	2	0.0001	0.060	0.666
<i>ZYG11A</i>	440590	4	0.0001	0.060	0.737
<i>PRSS57</i>	400668	3	0.0002	0.060	0.799
<i>SBF2</i>	81846	4	0.0002	0.060	0.841
<i>PPFIA4</i>	8497	5	0.0002	0.060	0.972
<i>SAMD9L</i>	219285	5	0.0002	0.060	0.972
<i>FARP1</i>	10160	4	0.0002	0.060	1
<i>SHE</i>	126669	2	0.0002	0.060	1
<i>ARAP3</i>	64411	3	0.0002	0.060	1
<i>PLEKHG3</i>	26030	4	0.0002	0.060	1
<i>DNAH11</i>	8701	26	0.0003	0.060	1
<i>OR51G1</i>	79324	6	0.0003	0.060	1

<i>PCNT</i>	5116	14	0.0003	0.060	1
<i>PLEC</i>	5339	27	0.0003	0.060	1
<i>C1orf167</i>	284498	8	0.0003	0.061	1
<i>LGR5</i>	8549	5	0.0003	0.061	1
<i>GNPTAB</i>	79158	6	0.0004	0.061	1
<i>NEDD4</i>	4734	6	0.0004	0.061	1
<i>RHBDF2</i>	79651	4	0.0004	0.061	1
<i>CRB1</i>	23418	2	0.0004	0.061	1
<i>NCOR2</i>	9612	9	0.0004	0.061	1
<i>DENND3</i>	22898	4	0.0004	0.061	1
<i>H6PD</i>	9563	9	0.0004	0.061	1
<i>MORC2</i>	22880	2	0.0004	0.061	1
<i>PGC</i>	5225	3	0.0005	0.065	1
<i>BTA1F1</i>	9044	4	0.0005	0.069	1
<i>ZNF883</i>	169834	4	0.0005	0.069	1
<i>TLR1</i>	7096	5	0.0005	0.069	1
<i>GLIS2</i>	84662	2	0.0006	0.071	1
<i>PCDHA12</i>	56137	3	0.0006	0.079	1
<i>CEP70</i>	80321	2	0.0007	0.080	1
<i>PF4</i>	5196	2	0.0007	0.082	1
<i>ANKLE1</i>	126549	2	0.0007	0.083	1
<i>SLC37A1</i>	54020	3	0.0008	0.083	1
<i>PPM1E</i>	22843	3	0.0008	0.083	1
<i>EXO1</i>	9156	2	0.0008	0.083	1

<i>ESR2</i>	2100	3	0.0009	0.083	1
<i>ZNF221</i>	7638	2	0.0009	0.083	1
<i>TAS2R40</i>	259286	4	0.0009	0.083	1
<i>TDRD12</i>	91646	6	0.0009	0.083	1
<i>PIK3C2G</i>	5288	5	0.0009	0.083	1
<i>ZNF613</i>	79898	3	0.0009	0.083	1
<i>OR4X2</i>	119764	2	0.0009	0.084	1
<i>PTPRU</i>	10076	5	0.0010	0.084	1
<i>DYSF</i>	8291	9	0.0010	0.084	1
<i>ZNF714</i>	148206	4	0.0010	0.084	1
<i>SPATA21</i>	374955	4	0.0010	0.084	1
<i>RNF213</i>	57674	10	0.0010	0.084	1
<i>EYA1</i>	2138	5	0.0011	0.086	1
<i>CORIN</i>	10699	5	0.0011	0.086	1
<i>ABCA13</i>	154664	12	0.0011	0.086	1
<i>PTPRN</i>	5798	3	0.0011	0.088	1
<i>DMD</i>	1756	13	0.0012	0.088	1
<i>KRT9</i>	3857	2	0.0012	0.088	1
<i>DST</i>	667	12	0.0012	0.088	1
<i>PDIA5</i>	10954	3	0.0013	0.099	1
<i>LMTK2</i>	22853	4	0.0014	0.099	1
<i>PAPPA</i>	5069	8	0.0014	0.102	1
<i>CHST3</i>	9469	2	0.0015	0.108	1
<i>TBCCD1</i>	55171	2	0.0016	0.112	1

<i>MYH11</i>	4629	4	0.0016	0.112	1
<i>ZNF479</i>	90827	3	0.0017	0.112	1
<i>KCNE1</i>	3753	2	0.0017	0.112	1
<i>NVL</i>	4931	4	0.0017	0.112	1
<i>RIMS2</i>	9699	4	0.0017	0.114	1
<i>CR2</i>	1380	3	0.0018	0.115	1
<i>GREB1</i>	9687	7	0.0019	0.115	1
<i>ADAMTSL1</i>	92949	13	0.0019	0.115	1
<i>OAS2</i>	4939	3	0.0019	0.115	1
<i>DYNC1H1</i>	1778	4	0.0019	0.115	1
<i>RNF222</i>	643904	2	0.0020	0.115	1
<i>LY9</i>	4063	4	0.0020	0.115	1
<i>PCLO</i>	27445	7	0.0020	0.115	1
<i>ALDH16A1</i>	126133	2	0.0020	0.115	1
<i>AFP</i>	174	3	0.0020	0.115	1
<i>AKNA</i>	80709	4	0.0020	0.115	1
<i>TRIM59</i>	286827	2	0.0020	0.115	1
<i>CRTAC1</i>	55118	5	0.0021	0.117	1
<i>ZNF862</i>	643641	4	0.0021	0.118	1
<i>PDCD11</i>	22984	8	0.0022	0.118	1
<i>PLA2G4D</i>	283748	6	0.0023	0.123	1
<i>PLA2G4C</i>	8605	3	0.0024	0.127	1
<i>IGSF8</i>	93185	5	0.0024	0.127	1
<i>NCKIPSD</i>	51517	2	0.0024	0.127	1

<i>MYOM3</i>	127294	7	0.0026	0.133	1
<i>FGFBP3</i>	143282	3	0.0026	0.133	1
<i>FAM126A</i>	84668	6	0.0027	0.134	1
<i>MVP</i>	9961	4	0.0027	0.134	1
<i>RASAL2</i>	9462	5	0.0027	0.134	1
<i>FNDC1</i>	84624	6	0.0028	0.134	1
<i>OR2T7</i>	81458	2	0.0028	0.134	1
<i>ENGASE</i>	64772	4	0.0028	0.134	1
<i>SIGIRR</i>	59307	2	0.0029	0.134	1
<i>RYR2</i>	6262	5	0.0030	0.134	1
<i>ARHGEF18</i>	23370	7	0.0030	0.134	1
<i>MAP1S</i>	55201	6	0.0030	0.134	1
<i>USP26</i>	83844	2	0.0031	0.134	1
<i>OLFML2A</i>	169611	4	0.0031	0.134	1
<i>WNK2</i>	65268	11	0.0031	0.134	1
<i>PNKD</i>	25953	3	0.0032	0.134	1
<i>SCNN1B</i>	6338	2	0.0032	0.134	1
<i>CCDC168</i>	643677	18	0.0032	0.134	1
<i>GMCL1</i>	64395	2	0.0032	0.134	1
<i>TNC</i>	3371	9	0.0033	0.134	1
<i>CYP4F3</i>	4051	4	0.0033	0.134	1
<i>IPPK</i>	64768	3	0.0033	0.134	1
<i>PRUNE2</i>	158471	8	0.0033	0.134	1
<i>NCAPG2</i>	54892	2	0.0033	0.134	1

<i>HIST1H1C</i>	3006	3	0.0034	0.134	1
<i>DNAH9</i>	1770	14	0.0034	0.134	1
<i>ADAM28</i>	10863	4	0.0035	0.134	1
<i>ABCA7</i>	10347	11	0.0035	0.134	1
<i>MED1</i>	5469	2	0.0035	0.134	1
<i>CCDC57</i>	284001	5	0.0035	0.134	1
<i>APC</i>	324	8	0.0035	0.134	1
<i>JSRP1</i>	126306	2	0.0036	0.134	1
<i>ACTR8</i>	93973	2	0.0036	0.134	1
<i>SLC22A7</i>	10864	2	0.0036	0.134	1
<i>PKP3</i>	11187	3	0.0036	0.134	1
<i>FAM13B</i>	51306	2	0.0036	0.134	1
<i>NMUR1</i>	10316	6	0.0036	0.134	1
<i>GANAB</i>	23193	5	0.0036	0.134	1
<i>TSGA10</i>	80705	2	0.0036	0.134	1
<i>MADCAM1</i>	8174	3	0.0037	0.134	1
<i>PDCL2</i>	132954	2	0.0037	0.134	1
<i>BCAM</i>	4059	3	0.0038	0.134	1
<i>HSPG2</i>	3339	14	0.0038	0.134	1
<i>PLXND1</i>	23129	5	0.0038	0.134	1
<i>CSPG4</i>	1464	8	0.0039	0.134	1
<i>NOX5</i>	79400	5	0.0039	0.134	1
<i>PDE4DIP</i>	9659	10	0.0039	0.134	1
<i>SPTBN2</i>	6712	7	0.0039	0.134	1

<i>NAALAD2</i>	10003	2	0.0040	0.134	1
<i>KCNH3</i>	23416	3	0.0040	0.134	1
<i>ZNF230</i>	7773	2	0.0040	0.134	1
<i>AMPD1</i>	270	5	0.0041	0.134	1
<i>ZDBF2</i>	57683	5	0.0041	0.134	1
<i>ARHGAP40</i>	343578	4	0.0041	0.134	1
<i>KIAA1324L</i>	222223	2	0.0041	0.134	1
<i>DPY19L4</i>	286148	4	0.0041	0.134	1
<i>NCR3</i>	259197	3	0.0042	0.134	1
<i>GPR132</i>	29933	2	0.0042	0.134	1
<i>KIAA1614</i>	57710	4	0.0042	0.134	1
<i>PIEZO2</i>	63895	5	0.0042	0.135	1
<i>ANGPTL7</i>	10218	4	0.0042	0.135	1
<i>PLOD2</i>	5352	3	0.0043	0.135	1
<i>SLFN12L</i>	100506736	2	0.0043	0.135	1
<i>ELMO3</i>	79767	5	0.0044	0.136	1
<i>ITGB4</i>	3691	4	0.0044	0.136	1
<i>STAG3</i>	10734	2	0.0044	0.136	1
<i>LRRC37B</i>	114659	3	0.0045	0.136	1
<i>MYH7</i>	4625	3	0.0045	0.136	1
<i>NCAN</i>	1463	5	0.0046	0.136	1
<i>PGAP1</i>	80055	3	0.0046	0.136	1
<i>TNN</i>	63923	5	0.0046	0.136	1
<i>PLBD2</i>	196463	2	0.0047	0.136	1

<i>TTC34</i>	100287898	4	0.0047	0.136	1
<i>CROCC</i>	9696	13	0.0047	0.136	1
<i>SLIT1</i>	6585	5	0.0048	0.136	1
<i>COL22A1</i>	169044	8	0.0048	0.136	1
<i>ZNF544</i>	27300	3	0.0049	0.136	1
<i>FAM186A</i>	121006	3	0.0049	0.136	1
<i>COL27A1</i>	85301	6	0.0049	0.136	1
<i>TRIM50</i>	135892	2	0.0049	0.136	1
<i>TG</i>	7038	10	0.0049	0.136	1
<i>WDR72</i>	256764	3	0.0049	0.136	1
<i>UHRF1BP1L</i>	23074	3	0.0049	0.136	1
<i>MKRN2</i>	23609	2	0.0049	0.136	1
<i>VEGFB</i>	7423	3	0.0050	0.137	1
<i>AKAP12</i>	9590	7	0.0050	0.137	1
<i>SIM1</i>	6492	2	0.0050	0.137	1
<i>EHD4</i>	30844	5	0.0051	0.137	1
<i>SLC7A8</i>	23428	3	0.0052	0.139	1
<i>GTF2A1L</i>	11036	2	0.0052	0.139	1
<i>TARBP1</i>	6894	9	0.0053	0.139	1
<i>FSIP2</i>	401024	19	0.0053	0.139	1
<i>ISX</i>	91464	2	0.0053	0.139	1
<i>LYST</i>	1130	5	0.0053	0.139	1
<i>PPP1R3F</i>	89801	2+D200	0.0054	0.139	1
<i>DGKH</i>	160851	5	0.0055	0.141	1

<i>SFXN2</i>	118980	3	0.0055	0.142	1
<i>MYO7B</i>	4648	7	0.0056	0.144	1
<i>ARHGEF4</i>	50649	8	0.0057	0.144	1
<i>MUC5B</i>	727897	21	0.0057	0.144	1
<i>CLMN</i>	79789	3	0.0058	0.144	1
<i>ARMC7</i>	79637	3	0.0058	0.144	1
<i>IQCE</i>	23288	5	0.0058	0.144	1
<i>SLC12A3</i>	6559	2	0.0058	0.144	1
<i>HLA-A</i>	3105	6	0.0059	0.145	1
<i>ABI3BP</i>	25890	7	0.0060	0.146	1
<i>DNAH1</i>	25981	15	0.0060	0.146	1
<i>AP4B1</i>	10717	4	0.0060	0.146	1
<i>ZDHHC5</i>	25921	3	0.0061	0.147	1
<i>GLRX2</i>	51022	3	0.0061	0.147	1
<i>RPS6KB2</i>	6199	4	0.0061	0.147	1
<i>SERPINB7</i>	8710	3	0.0062	0.147	1
<i>AGR3</i>	155465	4	0.0062	0.147	1
<i>SZT2</i>	23334	4	0.0065	0.152	1
<i>EFCAB5</i>	374786	6	0.0065	0.152	1
<i>NBEAL2</i>	23218	7	0.0066	0.153	1
<i>STARD13</i>	90627	2	0.0066	0.153	1
<i>RBP3</i>	5949	6	0.0067	0.156	1
<i>SEZ6</i>	124925	3	0.0068	0.156	1
<i>CNTRL</i>	11064	6	0.0068	0.157	1

<i>CELSR1</i>	9620	9	0.0069	0.158	1
<i>PTPN3</i>	5774	2	0.0069	0.158	1
<i>LAMA5</i>	3911	12	0.0070	0.159	1
<i>COL6A5</i>	256076	6	0.0071	0.159	1
<i>MLLT10</i>	8028	3	0.0073	0.159	1
<i>FLG</i>	2312	30	0.0073	0.159	1
<i>SVEP1</i>	79987	7	0.0073	0.159	1
<i>ENDOV</i>	284131	2	0.0074	0.159	1
<i>ZNF16</i>	7564	2	0.0074	0.159	1
<i>ZC3H12A</i>	80149	3	0.0075	0.159	1
<i>RAD52</i>	5893	3	0.0075	0.159	1
<i>MGA</i>	23269	9	0.0075	0.159	1
<i>TLX1</i>	3195	3	0.0075	0.159	1
<i>BMS1</i>	9790	4	0.0075	0.159	1
<i>ZNF747</i>	65988	3	0.0075	0.159	1
<i>STXBP2</i>	6813	2	0.0076	0.159	1
<i>XPC</i>	7508	4	0.0076	0.159	1
<i>CNTROB</i>	116840	4	0.0076	0.159	1
<i>ARMC3</i>	219681	4	0.0077	0.159	1
<i>QSER1</i>	79832	3	0.0078	0.159	1
<i>MMP15</i>	4324	4	0.0078	0.159	1
<i>TSEN54</i>	283989	3	0.0078	0.159	1
<i>PRDM4</i>	11108	4	0.0079	0.159	1
<i>CATSPER1</i>	117144	7	0.0079	0.159	1

<i>AK7</i>	122481	5	0.0081	0.159	1
<i>TRDN</i>	10345	2	0.0082	0.159	1
<i>DHRS1</i>	115817	3	0.0082	0.159	1
<i>AGBL4</i>	84871	2	0.0083	0.159	1
<i>KLC3</i>	147700	5	0.0083	0.159	1
<i>ADH4</i>	127	4	0.0084	0.159	1
<i>RNF212</i>	285498	5	0.0085	0.159	1
<i>OAS3</i>	4940	5	0.0085	0.159	1
<i>THEMIS</i>	387357	2	0.0086	0.159	1
<i>AKNAD1</i>	254268	5	0.0087	0.159	1
<i>CC2D2B</i>	387707	9	0.0087	0.159	1
<i>SYNE2</i>	23224	17	0.0087	0.159	1
<i>SUMF2</i>	25870	2	0.0087	0.159	1
<i>ARHGEF35</i>	445328	2	0.0087	0.159	1
<i>DDX4</i>	54514	3	0.0088	0.159	1
<i>STK36</i>	27148	5	0.0088	0.159	1
<i>DAPK2</i>	23604	4	0.0089	0.159	1
<i>FAT3</i>	120114	10	0.0089	0.159	1
<i>BNC2</i>	54796	4	0.0089	0.159	1
<i>ANKRD35</i>	148741	3	0.0090	0.159	1
<i>NOTCH4</i>	4855	4	0.0090	0.159	1
<i>PRDM2</i>	7799	6	0.0091	0.159	1
<i>ARHGAP23</i>	57636	5	0.0091	0.159	1
<i>PUS7L</i>	83448	3	0.0091	0.159	1

<i>LLGL1</i>	3996	3	0.0092	0.159	1
<i>MYEOV</i>	26579	3	0.0092	0.159	1
<i>CHD6</i>	84181	5	0.0092	0.159	1
<i>NPBWR2</i>	2832	2	0.0092	0.159	1
<i>IARS2</i>	55699	3	0.0093	0.159	1
<i>KRTAP10-1</i>	386677	3	0.0093	0.159	1
<i>SNX29</i>	92017	2	0.0093	0.159	1
<i>SRPK1</i>	6732	2	0.0093	0.159	1
<i>OR51E1</i>	143503	3	0.0094	0.159	1
<i>IQSEC1</i>	9922	2	0.0094	0.159	1
<i>ATG4C</i>	84938	2	0.0094	0.159	1
<i>SGSM3</i>	27352	2	0.0094	0.159	1
<i>ZNF594</i>	84622	6	0.0095	0.159	1
<i>DHDH</i>	27294	2	0.0095	0.159	1
<i>CIAPIN1</i>	57019	2	0.0095	0.159	1
<i>COMMD1</i>	150684	2	0.0096	0.159	1
<i>SLC22A6</i>	9356	2	0.0096	0.159	1
<i>PAQR6</i>	79957	2	0.0096	0.159	1
<i>BACH1</i>	571	2	0.0096	0.159	1
<i>OR10Z1</i>	128368	2	0.0096	0.159	1
<i>KIFC3</i>	3801	2	0.0096	0.159	1
<i>PLIN4</i>	729359	7	0.0096	0.159	1
<i>CITED2</i>	10370	2	0.0096	0.159	1
<i>TRAFD1</i>	10906	2	0.0096	0.159	1

<i>CNGA4</i>	1262	2	0.0096	0.159	1
<i>DNAJC5G</i>	285126	3	0.0097	0.159	1
<i>HMCN1</i>	83872	13	0.0097	0.159	1
<i>THEG</i>	51298	2	0.0097	0.159	1
<i>UMOD</i>	7369	2	0.0097	0.159	1
<i>LANCL1</i>	10314	2	0.0097	0.159	1
<i>EGFLAM</i>	133584	2	0.0097	0.159	1
<i>ADAMTS4</i>	9507	4	0.0098	0.159	1
<i>KRTAP10-11</i>	386678	2	0.0099	0.159	1
<i>ZNF721</i>	170960	3	0.0099	0.159	1
<i>CLIC6</i>	54102	2	0.0099	0.159	1
<i>ASPG</i>	374569	2	0.0099	0.159	1
<i>CSRNP1</i>	64651	2	0.0100	0.159	1
<i>CPNE7</i>	27132	2	0.0100	0.159	1

P: genome-wide gene-based burden testing on coding rare variants.

P_{BH}: Benjamini-Hochberg (BH) corrected *P*.

P_{bon}: Bonferroni-corrected *P*.