

ID	Affy probe id	STAGdb probe i	chrom	pos	Ordered Alleles	pca_pvalue_p1	pca_qvalue	PCA_outlier
1282	AX-212291561	AP_var_0202	NW_015441062.1	636634	C // G	3,04E-11	4,76E-08	outlier
5906	AX-198060765	Apop_00661	NW_015441132.1	144090	T // G	4,84E-05	0,009461947	outlier
7742	AX-197963721	Apop_00870	NW_015441169.1	262004	A // C	1,20E-05	0,00327725	outlier
10420	AX-198061659	Apop_01220	NW_015441250.1	386766	A // T	9,52E-07	0,000397426	outlier
12564	AX-212313719	Apop_06222	NW_015441333.1	138182	A // G	1,03E-07	5,96E-05	outlier
8453	AX-212311724	Apop_04238	NW_015441186.1	571998	T // C	4,96E-06	0,00165428	outlier
954	AX-212312038	Apop_04552	NW_015441059.1	2074347	A // C	2,11E-06	0,000776727	outlier
4854	AX-197981535	Apop_02623	NW_015441112.1	689	T // C	1,62E-05	0,003752732	outlier
15862	AX-212314078	Apop_06594	NW_015441504.1	269728	A // G	5,02E-06	0,00165428	outlier
13311	AX-212294965	AP_var_3618	NW_015441366.1	217105	A // G	2,59E-07	0,000115623	outlier
13314	AX-212308255	AP_var_3622	NW_015441366.1	301328	A // G	1,05E-07	5,96E-05	outlier
8980	AX-212313712	Apop_06215	NW_015441199.1	392473	C // G	1,20E-05	0,00327725	outlier
10417	AX-212307375	AP_var_2742	NW_015441250.1	380670	C // G	1,50E-05	0,003622678	outlier
10308	AX-198061653	Apop_01215	NW_015441248.1	82967	T // C	1,08E-06	0,000421032	outlier
3296	AX-212312229	Apop_04743	NW_015441086.1	844810	A // T	2,80E-05	0,006041909	outlier
17471	AX-212311897	Apop_04411	NW_015441667.1	212108	T // C	1,04E-05	0,003086096	outlier
3232	AX-212315152	Apop_07651	NW_015441084.1	481056	T // G	4,08E-08	2,84E-05	outlier
5704	AX-197963323	Apop_00638	NW_015441128.1	646387	A // G	2,42E-05	0,005413597	outlier
17120	AX-212309531	AP_var_4901	NW_015441631.1	152298	T // C	8,01E-06	0,002507675	outlier
14068	AX-212298114	Apop_03914	NW_015441395.1	352472	A // G	1,02E-11	2,12E-08	outlier
4652	AX-212292466	AP_var_1116	NW_015441106.1	262062	T // C	1,67E-08	1,31E-05	outlier
14072	AX-212308431	AP_var_3798	NW_015441395.1	378982	A // G	1,02E-11	2,12E-08	outlier
13312	AX-212308253	AP_var_3620	NW_015441366.1	257443	T // C	1,88E-09	1,68E-06	outlier
1166	AX-212312423	Apop_04938	NW_015441061.1	1159352	A // G	1,56E-07	8,12E-05	outlier
12378	AX-212307964	AP_var_3331	NW_015441322.1	108834	A // G	4,77E-05	0,009461947	outlier
14071	AX-212295144	AP_var_3797	NW_015441395.1	365079	A // C	1,87E-09	1,68E-06	outlier
1316	AX-197940800	Afix_02022	NW_015441062.1	918163	T // C	1,89E-07	9,10E-05	outlier
12831	AX-212308167	AP_var_3534	NW_015441352.1	44330	A // C	3,39E-05	0,007084476	outlier
14074	AX-212295147	AP_var_3800	NW_015441395.1	398611	C // G	8,04E-10	1,01E-06	outlier
18263	AX-212309906	AP_var_5276	NW_015441820.1	18619	A // T	3,14E-13	1,97E-09	outlier
10309	AX-212307349	AP_var_2716	NW_015441248.1	86832	T // C	1,33E-05	0,003340638	outlier
10311	AX-212307350	AP_var_2717	NW_015441248.1	101541	T // C	1,33E-05	0,003340638	outlier
3131	AX-212301852	Apop_07639	NW_015441082.1	1097586	A // C	0,240837903	0,761889603	n.s.
4839	AX-212302125	Apop_07912	NW_015441110.1	343884	A // G	0,241289664	0,761889603	n.s.
10277	AX-212300925	Apop_06728	NW_015441244.1	144431	A // G	0,580531191	0,864718735	n.s.
12377	AX-212307963	AP_var_3330	NW_015441322.1	99775	A // G	0,000704461	0,045947476	n.s.
17627	AX-212313350	Apop_05853	NW_015441701.1	103365	T // C	0,00011925	0,019145622	n.s.
19525	AX-212304622	Apop_10392	NW_015442478.1	31541	T // C	0,534014113	0,854986819	n.s.

OUTFLANK_fst	OUTFLANK_qva	OUTFLANK outli	CDS annotation	Protein accessic mRNA accessior	Adig genome v2
0,418444647	0,000189071	outlier	A disintegrin and metalloproteinase with throm	XP_015759874.: XM_015904388	aug_v2a.16603
0,166261269	0,338652177	n.s.		#N/D	#N/D
0,187854083	0,23753233	n.s.		#N/D	#N/D
0,221408267	NA	NA		#N/D	#N/D
0,261221929	NA	NA		#N/D	#N/D
0,284081935	0,021720461	outlier		#N/D	#N/D
0,170036477	0,338652177	n.s.		#N/D	#N/D
0,229780484	0,070163694	n.s.		#N/D	#N/D
0,249473851	0,056886971	n.s.		#N/D	#N/D
0,415342969	0,000302536	outlier		#N/D	#N/D
0,330551407	0,004407907	outlier	SAFB-like transcription modulator	XP_015769099.: XM_015913613	aug_v2a.10066
0,155852297	0,338652177	n.s.	ras-associated and pleckstrin homology domains	XP_015760915.: XM_015905429	aug_v2a.15306
0,221408267	NA	NA	uncharacterized LOC107342869	XP_015763869.: XM_015908383	aug_v2a.00275
0,182723698	0,255443476	n.s.	tumor necrosis factor receptor superfamily mem	XP_015763745.: XM_015908259	aug_v2a.14076
0,190702638	0,111366918	n.s.	fibropellin-1-like%2C transcript variant X3	XP_015751614.: XM_015896128	aug_v2a.14876
0,287797709	0,021720461	outlier	uncharacterized LOC107355283	XR_001567007.:	#N/D
0,213176962	0,131242883	n.s.	cyclic AMP-responsive element-binding protein 3	XP_015751395.: XM_015895909	aug_v2a.20705
0,127370291	0,467084743	n.s.	zinc finger protein 429-like	XP_015755900.: XM_015900414	aug_v2a.05150
0,220769492	0,080098952	n.s.	uncharacterized LOC107354539	XP_015776505.: XM_015921019	aug_v2a.11224
0,417475142	0,000189071	outlier	CREB-binding protein-like%2C transcript variant	XP_015770280.: XM_015914794	aug_v2a.03049
0,212239652	0,139005298	n.s.	putative ATP-dependent RNA helicase TDRD9	XP_015753856.: XM_015898370	aug_v2a.13797
0,417475142	0,000189071	outlier	non-histone protein 10-like isoform X1	XP_015770286.: XM_015914800	aug_v2a.03047
0,443152724	0,000189071	outlier	beta-1,3-galactosyltransferase 5-like	XP_015769103.: XM_015913617	aug_v2a.00094
0,298870492	0,013481792	outlier		#N/D	#N/D
0,346599869	0,002674883	outlier		#N/D	#N/D
0,417475142	0,000189071	outlier		#N/D	#N/D
0,032442041	0,98588884	n.s.		#N/D	#N/D
0,093753381	NA	NA		#N/D	#N/D
0,348348777	NA	NA		#N/D	#N/D
0,552571601	NA	NA		#N/D	#N/D
0,184537579	0,255443476	n.s.		#N/D	#N/D
0,184537579	0,255443476	n.s.		#N/D	#N/D
0,26063029	0,021720461	outlier		#N/D	#N/D
0,222879293	0,044410229	outlier		#N/D	#N/D
0,228443796	0,006891154	outlier		#N/D	#N/D
0,361077589	0,001744204	outlier		#N/D	#N/D
0,395850323	0,000460863	outlier		#N/D	#N/D
0,228224708	0,023050969	outlier		#N/D	#N/D

GO Terms	KEGG	SNPeff prediction	Putative_impac	DNA change	AA change	cDNA_position ,
GO:0004222	GC	#N/D	5_prime_UTR_variant	MODIFIER	c.-169G>C	
	#N/D	#N/D	downstream_gene_variant	MODIFIER	c.*8386T>G	
	#N/D	#N/D	downstream_gene_variant	MODIFIER	n.*3504T>G	
	#N/D	#N/D	downstream_gene_variant	MODIFIER	c.*2819A>T	
	#N/D	#N/D	downstream_gene_variant	MODIFIER	c.*3633A>G	
	#N/D	#N/D	downstream_gene_variant	MODIFIER	c.*8627T>C	
	#N/D	#N/D	intergenic_region	MODIFIER	n.2074347A>C	
	#N/D	#N/D	intergenic_region	MODIFIER	n.689T>C	
	#N/D	#N/D	intergenic_region	MODIFIER	n.269728A>G	
	#N/D	#N/D	intergenic_region	MODIFIER	n.217105A>G	
GO:0016021; GC	#N/D	intron_variant	MODIFIER	c.160-1313A>G		
GO:0007165	K23488	intron_variant	MODIFIER	c.979-205G>C		
	#N/D	#N/D	synonymous_variant	LOW	c.162G>C	p.Ala54Ala 622/3189
GO:0005576	K20825	3_prime_UTR_variant	MODIFIER	c.*537T>C		
GO:0005102	GC	#N/D	intron_variant	MODIFIER	c.*2-8463T>A	
	#N/D	#N/D	intron_variant	MODIFIER	n.336+1030A>G	
GO:0003677	GC K09048	intron_variant	MODIFIER	c.519+33T>G		
GO:0003676	GC K09214	synonymous_variant	LOW	c.306T>C	p.Asp102Asp	405/5002
GO:0001527	GC	#N/D	intron_variant	MODIFIER	c.1028-350A>G	
GO:0000123	GC K04498	intron_variant	MODIFIER	c.2661+24A>G		
GO:0000166	GC K18408	missense_variant&splice_region_variant	MODERATE	c.907A>G	p.Arg303Gly	1014/1994
GO:0000404	GC K11670	synonymous_variant	LOW	c.888T>C	p.Phe296Phe	921/1099
GO:0000139	GC K02175	synonymous_variant	LOW	c.963A>G	p.Met321Met	1182/1464
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-23295A>G	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	n.-4098T>C	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-9636A>C	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-2356A>G	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-2145T>G	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-7761C>G	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-24608A>T	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-8268T>C	
	#N/D	#N/D	intergenic_region	MODIFIER	n.101541T>C	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-10737A>C	
	#N/D	#N/D	downstream_gene_variant	MODIFIER	n.*702A>G	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-1625T>C	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-1062T>C	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	n.-3055T>C	
	#N/D	#N/D	upstream_gene_variant	MODIFIER	c.-9379T>C	

CDS_position / Protein_position Distance to feature:

2146

3992

3504

950

1974

3022

162/2118

54/705

537

306/912

102/303

907/1887

303/628

888/918

296/305

963/996

321/331

4892

4098

4279

2332

1920

4535

2053

4394

702

1625

880

3055

1220