

**TABLE S7****47 SNP associations where p-values < 0.05 using the general linear model in discovery population**

SNP	gene	trait	p-value	q-value
2	rac13	Trait41	0.0015	0.0721
2	rac13	Trait50	0.0035	0.0888
2	rac13	Trait52	0.0055	0.0888
2	rac13	Trait56	0.0245	0.1755
2	rac13	PCA3	0.0275	0.1879
2	rac13	Trait58	0.0480	0.2652
11	porin	PCA2	0.0025	0.0721
11	porin	Trait35	0.0045	0.0888
17	pal	Trait33	0.0105	0.1091
17	pal	Trait29	0.0310	0.2027
18	nh3702	PCA3	0.0415	0.2395
28	agp4	Trait2-2	0.0440	0.2484
29	agp4	Trait2-2	0.0115	0.1149
32	athb8	Trait32	0.0395	0.2385
42	cad	Trait36	0.0105	0.1091
42	cad	Trait38	0.0320	0.2027
45	comt2	Trait53	0.0065	0.0888
45	comt2	Trait11	0.0120	0.1154
45	comt2	PCA1	0.0125	0.1159
45	comt2	Trait7	0.0135	0.1169
45	comt2	Trait14	0.0220	0.1680
45	comt2	Trait28	0.0320	0.2027
45	comt2	Trait54	0.0405	0.2390
50	aexp1	Trait18	0.0025	0.0721
50	aexp1	Trait37	0.0045	0.0888
51	aexp1	PCA1	0.0220	0.1680
57	Lp5	Trait18	0.0020	0.0721
57	Lp5	Trait37	0.0055	0.0888
57	Lp5	Trait39	0.0065	0.0888
57	Lp5	Trait19	0.0075	0.0927
58	lim1	Trait11	0.0005	0.0380
59	lim1	Trait44	0.0390	0.2385
60	pal	Trait10-2	0.0005	0.0433
61	pal	Trait33	0.0135	0.1169
64	pcber	Trait39	0.0155	0.1298
69	athbx	Trait32	0.0080	0.0944
84	cesa1	Trait59	0.0075	0.0927
89	cesa1	Trait13	0.0235	0.1744
97	cesa2	Trait13	0.0250	0.1755
113	fra2	Trait9-2	0.0160	0.1298
118	rac13	Trait33	0.0060	0.0888

118	rac13	Trait16	0.0065	0.0888
131	sahh1	PCA3	0.0015	0.0721
133	sam1	Trait3	0.0065	0.0888
133	sam1	Trait2-2	0.0095	0.1073
133	sam1	Trait40	0.0005	0.0380
146	susy	Trait4	0.0020	0.0721

---