

Table S3. cis and trans eQTL

Probeset	Chromosome	LOD	Start	End
<i>cis eQTL</i>				
ENSGALT00000015891_LOC425783	1	4,9	0	406616
X603602527F1	1	5,3	366532	13314543
NM_001080210_FBXO18	1	4,4	366532	13314543
ENSGALT00000013813_EXOC4	1	5,0	366532	7500297
ENSGALT00000013814_EXOC4	1	4,8	366532	13314543
X603601503F1	1	5,7	366532	13314543
NM_204242_SEMA3E	1	4,0	681331	13314543
ENSGALT00000013515_LOC417722	1	5,5	7500297	14684440
X603868019F1	1	14,6	11301086	14684440
ENSGALT00000013087_PRKAR2B	1	5,0	11301086	20897163
X603143689F1	1	10,3	13314543	15697517
X603862742F1	1	5,5	14684440	17350997
ENSGALT00000000612_LOC769589	1	4,2	15697517	22215535
X603598166F1	1	4,0	15697517	22215535
ENSGALT00000030715_GPR37	1	4,1	17350997	25294185
ENSGALT00000014244_Q5ZKE1_CHICK	1	5,7	20897163	25294185
ENSGALT00000039114_Q5ZKE1_CHICK	1	5,6	20897163	25294185
X603597317F1	1	9,6	22215535	25294185
X603862804F1	1	4,1	34953886	37164711
ENSGALT00000016620_Q5F3D6_CHICK	1	4,6	37305405	43406820
X603595948F1	1	4,1	37305405	46086451
X603867954F1	1	4,4	37305405	46086451
NM_205208_CSRP2	1	4,1	37305405	46086451
ENSGALT00000038403_ACSS3	1	4,7	39668108	46086451
X603599019F1	1	4,5	39668108	46086451
ENSGALT00000019176_LOC769813	1	6,0	47775844	49952044
X603600031F1	1	5,9	50526061	53791052
ENSGALT00000030602_TOMM22	1	4,0	50526061	53791052
ENSGALT00000020279_NOL12	1	4,1	50526061	61816151
ENSGALT00000005090_LGALS2	1	5,8	52692420	61816151
ENSGALT00000037764_HMOX1_CHICK	1	6,8	52692420	61816151
ENSGALT00000030578_ENSGALG00000019306	1	4,4	52692420	61816151
NM_205344_HMOX1	1	5,6	55252063	61816151
ENSGALT00000037765_HMOX1_CHICK	1	4,9	55252063	61816151
X603142166F1	1	4,6	55252063	62215030
X603601419F1	1	6,4	55252063	62215030
X603601636F1	1	4,5	58811848	62215030
ENSGALT00000030545_ENSGALG00000019288	1	7,4	63570648	65535880
ENSGALT00000016631_TRY2_CHICK	1	4,9	71708614	81200026
ENSGALT00000037033_LOC768949	1	4,0	71708614	81200026
ENSGALT00000037035_LOC768949	1	4,6	71708614	81200026
ENSGALT00000037035_LOC768949	1	4,6	71708614	81200026
ENSGALT00000024768_ZPLD1	1	4,8	85140306	103169846
ENSGALT00000024772_CBLB	1	5,4	85140306	95241842
ENSGALT00000024920_GPA33	1	4,7	85140306	103169846
ENSGALT00000025763_DONSON	1	4,2	95241842	116783698
ENSGALT00000026212_SRPX	1	6,0	111555803	118226201
X603602790F1	1	4,8	114294426	118226201
ENSGALT00000026377_Q5F3B4_CHICK	1	4,6	117001710	123301222
ENSGALT00000036634_Q5F3B4_CHICK	1	5,2	117001710	123301222

NM_001012823_ACOT9	1	4,1	117001710	127009642
ENSGALT00000026387_PRDX4	1	5,4	117001710	127009642
ENSGALT00000026654_PHKA2	1	4,2	119902514	128374688
ENSGALT00000026744_B9A0U5_CHICK	1	6,1	125853070	128374688
ENSGALT00000026441_CNKSR2	1	4,3	127009642	134165693
ENSGALT00000036617_ARHGAP6	1	4,1	127009642	134165693
ENSGALT00000026830_STS	1	10,9	127009642	134165693
ENSGALT00000042197_SNORD89	1	4,5	127009642	134165693
ENSGALT00000027011_Q8AY37_CHICK	1	4,5	131662689	138107118
X603598304F1	1	10,2	134165693	138107118
ENSGALT00000022889_Q5ZL81_CHICK	1	12,9	138107118	142616238
ENSGALT00000027130_Q5ZL81_CHICK	1	8,6	138107118	145489901
X603142577F1	1	10,3	138107118	145489901
NM_001008681_ABHD13	1	4,1	140943462	149775518
ENSGALT00000027247_ITGBL1	1	7,4	145489901	149775518
X603002887F1	1	5,1	149775518	160055504
ENSGALT00000027361_TBC1D4	1	4,1	149775518	160055504
NM_001030821_IRG1	1	11,1	153797834	160055504
X603603033F1	1	6,4	166869980	172472876
ENSGALT00000027404_KIAA0564	1	4,1	166869980	172472876
X603863824F1	1	5,5	166869980	172472876
ENSGALT00000027507_NEK3	1	4,2	171456273	190334672
X603865290F1	1	6,3	174416546	180412143
NM_001006276_RFC3	1	4,5	174416546	180412143
X603863736F1	1	4,1	178512896	190334672
ENSGALT00000036449_VGFR1_CHICK	1	4,4	185988681	195271649
NM_001030837_RRM1	1	5,5	197685958	200400568
NM_001006284_POLD3	1	4,5	200157335	200400568
X603867141F1	2	5,4	8247809	14516677
ENSGALT00000011997_ARMC4	2	4,2	12757321	18391048
NM_001006356_ACBD5	2	4,5	12757321	18391048
X603866182F1	2	4,4	14516677	18391048
ENSGALT00000041376_ENSGALG00000024463	2	10,0	16687105	23979784
ENSGALT00000014467_ABCB1	2	9,8	19374198	23979784
NM_204894_ABCB1	2	12,7	19374198	23979784
ENSGALT00000038221_O93437_CHICK	2	11,2	19374198	23979784
X603143106F1	2	4,6	19374198	23979784
ENSGALT00000014705_GTPBP10	2	4,7	19374198	33358070
X603595549F1	2	4,2	19374198	23979784
NM_001012558_TMEM106B	2	15,9	21258215	28864817
ENSGALT00000017444_Q5F3Z0_CHICK	2	16,4	21258215	28864817
X603598188F1	2	11,2	21258215	28864817
X603600947F1	2	16,9	21258215	28864817
X603865923F1	2	10,1	21258215	33358070
X603868123F1	2	9,5	21258215	33358070
X603865064F1	2	9,2	23979784	33358070
ENSGALT00000018327_DPH3	2	4,2	28864817	38485435
X603596713F1	2	5,7	33358070	42847007
X603868164F1	2	4,1	33358070	45477693
X603866511F1	2	5,0	42847007	47702478
ENSGALT00000037515_SFRP4	2	4,3	42847007	47702478
NM_001007080_BMPER	2	4,5	45477693	55514291
ENSGALT00000020160_MRPL32	2	7,8	45477693	58012316

ENSGALT00000020160_MRPL32	2	7,8	45477693	58012316
ENSGALT00000020160_MRPL32	2	7,8	45477693	58012316
X603864267F1	2	4,6	45477693	58012316
X603866284F1	2	4,4	45477693	58012316
X603142604F1	2	5,8	45477693	58012316
ENSGALT00000035372_ENSGALG00000021829	2	7,5	61273711	65980620
X603866954F1	2	6,2	61273711	65980620
ENSGALT00000020690_MBOAT1	2	4,2	63190640	67567760
X603862212F1	2	4,8	66188071	77969669
X603596980F1	2	4,8	68904015	77969669
ENSGALT00000021239_ROPN1L	2	7,0	73601341	81254347
ENSGALT00000037061_C9orf4	2	4,5	73601341	91075653
NM_001031006_CCDC127	2	5,6	73601341	93026599
X603144121F1	2	4,8	79389272	88587412
ENSGALT00000030981_ENSGALG00000019522	2	8,3	87119086	93026599
X603599695F1	2	8,0	88587412	93026599
X603602441F1	2	4,4	91075653	95616928
X603597550F1	2	4,7	91075653	95616928
ENSGALT00000022184_TTRAP	2	7,4	91075653	101180990
X603595629F1	2	15,2	91075653	95616928
X603598785F1	2	4,5	91075653	95616928
ENSGALT00000022615_ENSGALG00000019502	2	5,7	95616928	108997666
ENSGALT00000023564_Q91429_CHICK	2	8,1	101180990	108997666
NM_205341_MYL12A	2	4,5	101180990	108997666
ENSGALT00000036879_Q90724_CHICK	2	7,4	101180990	108997666
X603865192F1	2	10,7	101180990	107005177
ENSGALT00000035370_ENSGALG00000021827	2	10,9	108997666	115374976
X603865613F1	2	6,6	114148246	122001442
X603143814F1	2	5,0	116617839	122001442
ENSGALT00000025015_LOC771318	2	6,5	116617839	122001442
ENSGALT00000030858_Q6VYQ9_CHICK	2	4,4	116617839	129748552
X603863179F1	2	6,1	116617839	122001442
ENSGALT00000024919_CA8	2	6,4	118557441	122001442
NM_001006345_RPL7	2	4,3	119095013	129748552
ENSGALT00000036651_Q6VYQ9_CHICK	2	4,5	122001442	131923745
NM_204290_FABP4	2	5,3	122001442	131923745
NM_001030943_RIPK2	2	5,7	122001442	131923745
ENSGALT00000025642_OSGIN2	2	4,7	125103948	131923745
X603864833F1	2	6,3	125103948	131923745
X603595861F1	2	7,7	125103948	131923745
NM_204337_NBN	2	8,4	125103948	131923745
ENSGALT00000025647_DECR1	2	5,0	125103948	131923745
ENSGALT00000026445_CALB1_CHICK	2	4,1	125103948	131923745
ENSGALT00000025702_CDH17	2	4,4	125103948	134658855
X603601310F1	2	4,8	125103948	131923745
ENSGALT00000025752_Q6V0P0_CHICK	2	4,3	125103948	131923745
NM_001030945_CCNE2	2	4,2	125103948	131923745
ENSGALT00000030772_MRPL13	2	5,1	131923745	143872110
ENSGALT00000030773_MRPL13	2	4,4	131923745	143872110
ENSGALT00000025947_LOC428379	2	6,8	134658855	141590046
X603144230F1	2	8,5	144240933	154682550
ENSGALT00000026023_LOC420300	2	15,0	145437818	154682550
X603865519F1	2	9,1	145437818	154682550

X603864309F1	3	12,4	4521634	8002840
ENSGALT00000041367_ENSGALG00000024454	3	5,4	16012304	21992770
ENSGALT00000035398_C1orf115	3	4,0	16519956	21992770
ENSGALT00000016072_DEF_CHICK	3	6,0	19002192	27044082
NM_001031051_C1orf107	3	5,6	19002192	27044082
ENSGALT00000016296_PLB1	3	5,0	27044082	35110420
ENSGALT00000016352_KIF6	3	7,7	27044082	35110420
ENSGALT00000016469_GLO1	3	5,0	27044082	31683357
X603597324F1	3	4,8	27044082	35110420
NM_205323_ACTN2	3	7,5	31683357	41002891
NM_001012405_EDARADD	3	5,0	31683357	45526535
ENSGALT00000023213_Q5EFZ6_CHICK	3	4,1	31683357	45526535
X603599479F1	3	6,9	35275260	41002891
ENSGALT00000017618_ERO1LB	3	4,0	41002891	56172535
ENSGALT00000017896_GNG4	3	4,6	41002891	45526535
ENSGALT00000004102_GGPS1	3	4,5	41002891	45526535
X603600684F1	3	4,4	41002891	45526535
X603141543F1	3	8,0	41002891	45526535
ENSGALT00000018844_QKI_CHICK	3	4,0	41002891	49519821
ENSGALT00000018853_PACRG	3	4,0	41002891	50524750
ENSGALT00000018198_Q6JLA9_CHICK	3	4,1	42383185	56172535
ENSGALT00000018703_RPS6KA2	3	4,9	42383185	56172535
ENSGALT00000018845_QKI_CHICK	3	4,6	42383185	49519821
ENSGALT00000037580_AKAP12	3	4,8	42383185	57107507
ENSGALT00000037561_ENSGALG00000023060	3	4,9	42383185	56172535
ENSGALT00000022317_SERAC1	3	4,9	42383185	61258323
ENSGALT00000024711_SCML4	3	4,4	42383185	58914157
X603599288F1	3	6,2	42383185	49519821
ENSGALT00000021996_C6orf98	3	4,2	45526535	56172535
ENSGALT00000018087_KIAA0133	3	4,0	46585550	57107507
ENSGALT00000031806_Q5ZL46_CHICK	3	9,0	46585550	50524750
X603598254F1	3	5,8	46585550	54435208
ENSGALT00000022192_TIAM2	3	4,1	46585550	56172535
ENSGALT00000037550_TIAM2	3	4,6	46585550	50524750
X603595625F1	3	4,3	46585550	50524750
ENSGALT00000022346_PLAGL1	3	4,7	46585550	61258323
ENSGALT00000020095_GRM1	3	7,2	47228401	50524750
NM_001031069_EPM2A	3	9,3	47228401	50524750
X603863949F1	3	4,4	50524750	68395467
X603863949F1	3	4,4	50524750	68395467
ENSGALT00000004569_ENPP1	3	4,2	50524750	68395467
X603868124F1	3	4,4	50524750	74929724
X603868124F1	3	4,4	50524750	74929724
X603866058F1	3	4,0	50524750	56172535
ENSGALT00000022536_MAP7_CHICK	3	4,6	54435208	68395467
ENSGALT00000022584_FAM54A	3	4,8	54435208	70785013
X603862470F1	3	5,0	56172535	68395467
X603866243F1	3	5,1	57107507	70785013
X603866243F1	3	5,1	57107507	70785013
ENSGALT00000024129_FAM26F	3	5,1	57107507	68395467
ENSGALT00000024129_FAM26F	3	5,1	57107507	68395467
X603601231F1	3	5,6	58914157	68395467
X603601231F1	3	5,6	58914157	68395467

ENSGALT00000022704_LAMA2	3	8,5	58914157	65383400
ENSGALT00000022704_LAMA2	3	8,5	58914157	65383400
ENSGALT00000024014_MCM9	3	6,7	58914157	70785013
X603864382F1	3	6,7	61592118	74929724
X603867930F1	3	6,8	81906220	89309106
ENSGALT00000026596_HS1BP3	3	5,7	102997484	108000014
ENSGALT00000036857_HS1BP3	3	4,8	102997484	108000014
X603863855F1	4	7,0	1267185	1816999
X603596676F1	4	10,2	1267185	3665369
X603863273F1	4	9,1	1267185	3665369
ENSGALT00000007868_RAB9B	4	4,6	1267185	3665369
X603865711F1	4	9,9	1267185	3665369
X603595821F1	4	6,3	1267185	3665369
NM_001031115_DKC1	4	5,2	1267185	3665369
ENSGALT00000008105_DKC1_CHICK	4	6,5	1267185	3665369
ENSGALT00000010323_GPR112	4	6,8	1267185	4098763
X603864651F1	4	15,1	3665369	5071148
X603597044F1	4	4,8	3665369	5071148
NM_001031118_FAM122A	4	4,8	3665369	5071148
ENSGALT00000010691_ATP11C	4	4,0	4098763	7019896
X603142811F1	4	8,8	11442136	15351471
ENSGALT00000014414_CXorf39	4	4,4	12433131	25656420
ENSGALT00000016043_ZNF330	4	4,1	30479695	34600626
ENSGALT00000038470_Q5ZJF2_CHICK	4	8,2	30479695	37860292
ENSGALT00000017213_ENSGALG00000010577	4	4,5	30479695	52996490
NM_001012404_EPGN	4	4,2	30479695	34600626
ENSGALT00000018503_IGFBP7	4	4,0	43210609	53839212
ENSGALT00000020122_CISD2	4	4,4	57822163	68340521
ENSGALT00000021879_PDLI3_CHICK	4	4,4	57822163	68340521
ENSGALT00000032107_PDGFR1	4	4,0	59340250	70644714
ENSGALT00000022204_ZDHHC2	4	4,1	59340250	71833345
NM_001004401_PPAT	4	4,1	59340250	70644714
ENSGALT00000022312_PUR1_CHICK	4	5,9	62983124	70644714
X603866410F1	4	4,7	66719658	71833345
ENSGALT00000037420_N4BP2	4	6,1	66719658	71833345
X603864570F1	4	4,6	70644714	76801898
X603602358F1	4	11,3	70644714	76801898
ENSGALT00000023261_ENSGALG00000014396	4	4,4	70644714	82659753
X603863112F1	4	6,0	73138498	82659753
ENSGALT00000023419_CD38	4	6,0	73138498	83961289
X603599417F1	4	6,7	73138498	82659753
X603863527F1	4	4,0	73138498	83961289
ENSGALT00000024208_STX18	4	4,3	73138498	83961289
X603598729F1	4	15,3	76801898	82659753
X603863258F1	4	22,1	76801898	82659753
ENSGALT00000024175_OTOP1	4	9,5	76801898	82659753
NM_001004429_TACC3	4	5,3	84031497	87177230
ENSGALT00000025333_Q5ZLP9_CHICK	4	5,8	84031497	87177230
NM_204403_BUB1B	5	4,0	83465	3871281
ENSGALT00000039501_USH1C	5	10,5	5571125	16303985
ENSGALT00000010667_LOC770392	5	4,8	5571125	16303985
ENSGALT00000014000_LOC771349	5	5,4	21008191	32709570
NM_001004405_CAPN3	5	4,9	24177749	32709570

ENSGALT00000022453_ENSGALG00000013838	5	7,2	27607021	32709570
X603865840F1	5	6,1	29578341	39187331
X603601654F1	5	12,6	29578341	39187331
X603596306F1	5	5,4	29578341	41050901
X603868077F1	5	4,7	29578341	39187331
X603143975F1	5	14,3	34951482	39187331
NM_001007935_BRMS1L	5	5,6	38043869	41050901
NM_001039302_SIP1	5	5,0	38043869	41050901
ENSGALT00000016505_Q5ZJH1_CHICK	5	4,4	38043869	41050901
ENSGALT00000016593_C14orf45	5	7,8	38043869	41050901
X603600251F1	5	5,9	39187331	47913881
X603868322F1	5	4,1	39187331	52405269
X603867292F1	5	7,3	45899976	52405269
X603598306F1	5	4,0	47913881	53310912
X603863866F1	5	5,7	54756251	59333159
ENSGALT00000037279_MDGA2	5	4,7	58169099	59333159
X603598388F1	6	4,2	1545609	8141307
ENSGALT00000041354_LOC423636	6	4,5	1545609	13429082
X603596512F1	6	4,0	2327260	6939525
ENSGALT00000003834_DYDC1	6	4,3	2327260	11071977
ENSGALT00000004257_DNAJC9	6	4,8	2327260	6939525
X603597362F1	6	4,6	2930562	6939525
X603865854F1	6	4,6	6939525	11071977
X603599919F1	6	5,0	6939525	11071977
NM_001031222_SLC16A9	6	10,7	6939525	11071977
ENSGALT00000004715_PLEKHK1	6	4,1	8141307	11071977
ENSGALT00000005033_MOT9_CHICK	6	11,9	8141307	11071977
X603600511F1	6	4,5	11071977	18893102
X603602109F1	6	4,3	11071977	17574768
X603866766F1	6	8,0	13429082	18893102
ENSGALT00000009577_ANXA8	6	8,6	15310578	18893102
ENSGALT00000040000_Q52P71_CHICK	6	4,9	17574768	25762392
ENSGALT00000010634_TMEN20	6	5,4	17574768	25762392
ENSGALT00000011313_TDT_CHICK	6	4,9	17574768	25762392
X603862991F1	6	4,2	17574768	25762392
X603599830F1	6	6,0	22733878	25762392
X603568048F1	6	4,8	23508327	33406702
X603862885F1	6	4,0	23508327	31897003
X603601127F1	6	6,2	25762392	31897003
ENSGALT00000014156_RBM20	6	4,4	25762392	31897003
ENSGALT00000039061_ENSGALG00000023527	6	8,6	25762392	31897003
ENSGALT00000014431_VTI1A	6	5,2	25762392	31897003
ENSGALT00000014801_TRUB1	6	4,4	25762392	33406702
X603598822F1	6	4,6	28521405	33406702
X603863661F1	6	7,6	28521405	33406702
ENSGALT00000015227_SFXN4	6	6,9	28521405	33406702
X603599016F1	6	5,5	28521405	33406702
ENSGALT00000015809_Q5F351_CHICK	6	4,6	31897003	33406702
ENSGALT00000003720_Q5F3K3_CHICK	7	4,2	1635843	3641233
ENSGALT00000034035_ENSGALG00000021145	7	4,4	1635843	3641233
ENSGALT00000006250_CO6A3_CHICK	7	4,2	2430814	5572688
X603868103F1	7	4,3	5179026	13578026
ENSGALT00000013654_ALS2CR4	7	5,5	12322416	14469650

X603601250F1	7	4,5	12322416	14469650
ENSGALT00000014791_O42096_CHICK	7	5,2	16301838	19669162
ENSGALT00000018729_XRCC5	7	11,3	23444134	27877398
X603864485F1	7	5,8	35109841	37306479
X603863672F1	7	7,2	36362022	37306479
X603599147F1	8	4,5	4126408	21627386
ENSGALT00000033698_LOC424428	8	4,3	4126408	8371160
X603601261F1	8	4,6	4126408	18297294
ENSGALT00000009468_CCDC18	8	4,8	4126408	18297294
ENSGALT00000009470_CCDC18	8	4,7	4126408	18297294
X603599396F1	8	5,3	4126408	18297294
ENSGALT00000014128_SYDE2	8	4,0	4126408	21627386
X603141831F1	8	4,4	4126408	18297294
X603141830F1	8	12,8	4126408	12853035
X603142079F1	8	8,4	7547459	18297294
NM_001012596_FAM129A	8	16,0	7547459	14397546
X603868076F1	8	5,4	7547459	18297294
ENSGALT00000008936_CCHL_CHICK	8	4,3	7547459	21627386
X603866233F1	8	5,0	7547459	18297294
NM_204481_HS2ST1	8	4,5	7547459	21627386
X603602157F1	8	4,1	12853035	23936961
X603862689F1	8	5,1	25513686	29856293
X603597242F1	8	8,4	25513686	29856293
ENSGALT00000017754_LOC772391	8	7,0	25513686	29856293
NM_001031291_PDE4B	8	4,3	26648181	29856293
X603599542F1	8	4,8	26648181	29856293
ENSGALT00000032905_C1orf173	8	5,0	26648181	29856293
ENSGALT00000018575_RABGGTB	8	4,5	26648181	29856293
NM_204441_PROC	9	4,2	2544843	4332354
ENSGALT00000041251_ENSGALG00000024385	9	7,5	2544843	4332354
X603598875F1	9	9,7	2544843	4332354
ENSGALT00000035455_5S_rRNA	9	4,0	3277617	5142892
ENSGALT00000035451_5S_rRNA	9	4,9	3277617	5142892
ENSGALT00000035483_5S_rRNA	9	6,0	3277617	5142892
X603598638F1	9	7,1	5142892	14845755
X603144142F1	9	4,7	5142892	10175136
ENSGALT00000010106_ILKAP	9	4,2	5142892	10175136
X603144063F1	9	4,5	5142892	14845755
ENSGALT00000008844_VAMP2	9	4,4	5142892	14845755
X603577149F1	9	4,3	5142892	17633781
X603866863F1	9	5,0	8447508	14845755
ENSGALT00000011255_BDH_CHICK	9	5,5	8447508	14845755
X603862895F1	9	4,3	8447508	17633781
ENSGALT00000040228_ENSGALG00000023912	9	4,3	8447508	17633781
X603867866F1	9	5,5	10175136	15673485
ENSGALT00000011075_NCBP2	9	5,3	10175136	17633781
NM_001006547_BDH1	9	6,1	10175136	14845755
X603596685F1	9	15,7	10175136	14845755
ENSGALT00000011090_Q92062_CHICK	9	7,6	12748848	17633781
X603866968F1	9	4,9	12748848	14845755
ENSGALT00000011701_ENSGALG00000007231	9	5,1	12748848	17633781
X603865631F1	9	4,0	12748848	23249432
ENSGALT00000011741_IL1RAP	9	4,8	13218506	17633781

X603600966F1	9	6,8	13218506	17633781
ENSGALT00000014363_ATP11B	9	4,8	15673485	20745674
NM_205174_SKIL	9	6,8	17633781	23249432
ENSGALT00000015236_Q05951_CHICK	9	5,7	17633781	23249432
ENSGALT00000015237_Q05951_CHICK	9	6,0	17633781	23249432
X603867113F1	9	8,5	17633781	23249432
X603864983F1	9	15,8	17633781	23249432
X603598984F1	9	6,4	17633781	23249432
X603863957F1	9	7,4	17633781	23249432
ENSGALT00000015530_ARL14	9	8,7	17633781	23249432
ENSGALT00000039093_MLF1	9	4,6	17633781	23249432
ENSGALT00000034778_LOC415312	10	5,3	764133	4342469
ENSGALT00000006440_LARP6	10	4,2	3610700	6830363
X603862632F1	10	4,3	3610700	12602118
X603863210F1	10	4,8	3610700	6830363
X603862030F1	10	4,0	4342469	12602118
X603600179F1	10	7,9	13319695	15038239
X603599320F1	10	5,3	17399683	20781391
X603601549F1	10	5,3	19430079	20781391
X603603027F1	11	11,2	5192111	9911245
X603864355F1	11	10,2	5192111	9911245
NM_001005843_UQCRFSL1	11	6,5	5192111	9911245
ENSGALT00000007212_TSHZ3	11	4,2	8487357	12069070
ENSGALT00000042240_gga.mir.1634	11	5,0	9911245	14396075
NM_001001760_CDH13	11	5,9	15190886	20762093
NM_001134359_FANCA	11	6,7	18677745	21105796
ENSGALT00000002333_STAB1	12	4,5	1215858	5341982
ENSGALT00000003879_LOC770732	12	4,4	1215858	5341982
X603863412F1	12	4,0	1215858	5341982
ENSGALT00000007193_PARP3	12	5,2	1215858	5341982
ENSGALT00000036286_ENSGALG00000022656	12	5,2	1649965	5341982
ENSGALT00000003330_TUSC4	12	5,0	2181145	5341982
ENSGALT00000036273_CCDC48	12	4,7	2483263	6113162
ENSGALT00000008165_HDAC11	12	5,0	2483263	6113162
X603603373F1	12	5,2	2483263	6113162
X603595621F1	12	5,9	11017459	14051161
ENSGALT00000036229_ENSGALG00000022639	12	4,6	12040054	16879345
X603862915F1	12	4,7	14051161	18023160
X603568189F1	13	4,1	875751	2424019
X603597807F1	13	4,2	2424019	10105991
ENSGALT00000011745_Q90591_CHICK	13	6,0	4116054	8702725
ENSGALT00000041081_Q90591_CHICK	13	7,2	4116054	8702725
X603598354F1	13	7,8	4116054	8702725
X603866983F1	13	8,3	4116054	8702725
ENSGALT00000004213_GRPEL2	13	5,0	4116054	10105991
ENSGALT00000004517_ERGIC1	13	5,7	5555459	11093750
X603868001F1	13	4,2	11093750	17914800
X603868338F1	13	4,1	11093750	17914800
NM_205095_MAPK9	13	6,4	11093750	17914800
X603863190F1	14	4,0	742709	5105858
ENSGALT00000005510_BHLHB8	14	7,1	742709	2699489
NM_001030636_TOP3A	14	6,6	3600574	8716372
ENSGALT00000033826_ENSGALG00000021043	14	7,3	3600574	8716372

X603863473F1	14	7,5	3600574	8716372
X603865473F1	14	4,3	3600574	10172497
X603596248F1	14	7,3	3600574	10172497
NM_001012522_ABCC1	14	4,3	3600574	8716372
X603600762F1	14	5,2	5105858	8716372
X603868033F1	14	8,4	5716424	10172497
ENSGALT00000009821_DCTN5	14	6,7	5716424	10172497
X603599183F1	14	5,2	5716424	10172497
ENSGALT00000010357_Q5F3U4_CHICK	14	5,0	5716424	10172497
X603144657F1	14	6,3	5716424	10172497
ENSGALT00000039948_TMC7_CHICK	14	4,1	5716424	10172497
X603595988F1	14	4,2	5716424	10172497
X603603312F1	14	10,4	5716424	10172497
X603863911F1	14	8,5	5716424	10172497
ENSGALT00000011592_RMI2_CHICK	14	6,7	5716424	10172497
NM_001006174_C16orf75	14	7,8	5716424	10172497
ENSGALT00000011682_FAM18A	14	9,7	5716424	10172497
ENSGALT00000011879_Q5F3R3_CHICK	14	4,1	5716424	10172497
ENSGALT00000012057_Q8UWHO_CHICK	14	4,1	5716424	10172497
X603862792F1	14	4,1	5716424	10172497
ENSGALT00000015211_CRAMP1L	14	4,1	5716424	10172497
X603597475F1	14	12,5	5716424	10172497
X603866743F1	14	4,6	12196898	15410006
X603862496F1	14	5,8	12196898	15410006
X603867381F1	14	4,2	12196898	15410006
X603598221F1	15	6,6	103493	1588362
X603144222F1	15	4,3	103493	1588362
NM_001007836_C22orf25	15	4,1	103493	4043393
X603601550F1	15	5,1	103493	1588362
X603603039F1	15	7,1	1949871	6012728
X603598106F1	15	4,4	4043393	9388341
X603862791F1	15	4,1	4043393	9388341
X603601138F1	15	5,3	4043393	9388341
ENSGALT00000038278_CCDC60	15	4,5	4043393	9388341
X603599406F1	15	4,9	8451459	10677054
ENSGALT00000038279_CCDC60	15	4,6	8451459	10677054
ENSGALT00000000234_Q5PY04_CHICK	16	5,3	93395	161670
NM_213582_CLEC2D	16	5,3	93395	161670
ENSGALT00000001628_Q3LUJ2_CHICK	16	5,3	93395	161670
ENSGALT00000000176_ENSGALG00000000126	16	4,5	93395	161670
NM_001099356_LOC427095	16	8,5	93395	161670
ENSGALT00000031517_KIFC1	16	8,5	93395	161670
ENSGALT00000041177_ENSGALG00000024359	16	7,8	93395	161670
ENSGALT00000041163_ENSGALG00000024352	16	10,5	93395	161670
ENSGALT00000041162_ENSGALG00000024351	16	5,0	93395	161670
NM_001030673_B.G	16	6,0	93395	161670
X603142468F1	16	4,2	93395	161670
ENSGALT00000014372_SLC31A1	17	4,7	989540	4068238
ENSGALT00000011523_TENA_CHICK	17	5,0	989540	4068238
ENSGALT00000040050_Q50L61_CHICK	17	4,5	1502377	4068238
ENSGALT00000008132_FAM102A	17	5,8	4068238	6076178
NM_001197034_C9orf16	17	5,9	6076178	8788041
ENSGALT00000007637_C9orf16	17	5,4	6076178	8788041

X603865387F1	17	4,1	6076178	8788041
NM_001013395_ASS1	17	4,6	6076178	8788041
ENSGALT00000006389_ASSY_CHICK	17	4,4	6076178	8788041
X603596287F1	17	10,8	6076178	7278120
X603577223F1	17	9,5	6076178	7278120
ENSGALT00000034763_KIAA1529	17	5,7	6076178	7278120
X603867214F1	17	5,4	6076178	8788041
X603596177F1	17	4,7	6076178	10218896
X603602420F1	17	7,5	7854285	10218896
ENSGALT00000038911_B3GALT4	17	4,4	7854285	10218896
NM_205240_ST6GALNAC1	18	7,4	3045583	4925696
X603602435F1	18	4,2	3045583	7417296
X603862865F1	18	10,5	4226902	5855624
X603864422F1	18	5,5	6201651	9437165
ENSGALT00000018981_ENSGALG00000011617	18	4,2	7417296	9437165
ENSGALT00000012452_MRPL27	18	4,9	7417296	9437165
ENSGALT00000040475_LOC431205	20	5,2	1192309	3161038
ENSGALT00000040467_ENSGALG00000023997	20	6,3	1192309	3161038
X603597894F1	20	4,1	1192309	3161038
X603598011F1	20	5,7	1192309	3161038
X603600905F1	20	4,6	3161038	6177275
X603595816F1	20	4,6	4136908	7847356
X603601366F1	20	4,3	6904824	9630882
ENSGALT00000039008_ENSGALG00000020920	20	4,8	9630882	13068468
X603862244F1	20	6,0	9630882	13201606
X603142182F1	20	4,8	9630882	13201606
ENSGALT00000012637_PFDN4	20	4,7	10678946	13201606
ENSGALT00000042433_gga.mir.1687	20	7,8	10678946	13201606
X603867077F1	21	8,2	630420	1784095
X603866295F1	21	4,9	2684266	6694869
ENSGALT00000006507_PRDM2	21	4,4	2684266	6694869
X603864183F1	21	4,2	4622435	6694869
ENSGALT00000029001_gga.mir.200a	21	5,1	4622435	6694869
X603864620F1	21	6,4	4622435	6694869
X603598688F1	21	5,1	4622435	6694869
NM_205209_SLC2A1	21	7,2	5546680	6708327
X603866361F1	23	5,2	182018	2444101
ENSGALT00000000878_Q800V4_CHICK	23	5,8	182018	2444101
ENSGALT00000000879_Q800V4_CHICK	23	5,1	182018	2444101
ENSGALT00000041206_Q800V4_CHICK	23	6,1	182018	1032588
ENSGALT00000041207_Q800V4_CHICK	23	5,4	182018	1032588
NM_001030889_FABP3	23	5,5	182018	2444101
NM_001030891_PPP1R8	23	4,6	182018	2444101
ENSGALT00000001485_Q5ZLA7_CHICK	24	5,5	1135292	2603372
X603867427F1	24	5,9	1812729	3041589
X603600958F1	24	4,7	4228274	6273428
ENSGALT00000040673_Q2TV23_CHICK	26	4,0	219282	2320301
ENSGALT00000040182_CAZA1_CHICK	26	4,6	2320301	3822138
ENSGALT00000002879_RSBN1	26	4,8	2320301	4567958
X603597281F1	26	6,2	3048852	4567958
ENSGALT00000040923_LOC431352	27	4,5	376706	1861637
ENSGALT00000040915_LOC770241	27	5,4	376706	1861637
ENSGALT00000012755_LOC770204	27	5,4	376706	1861637

ENSGALT00000040905_LOC770241	27	4,1	376706	1861637
X603866012F1	27	5,4	1205103	3253573
ENSGALT00000002026_ATP5G1	27	5,3	2322999	4341846
X603862580F1	28	8,4	991556	1608048
X603862171F1	28	4,8	991556	1608048
X603862231F1	28	4,4	991556	2008685
X603601715F1	28	4,1	991556	2008685
X603595508F1	28	7,8	991556	2008685
X603143365F1	28	7,0	991556	2008685
X603599785F1	28	13,4	2008685	2818024
ENSGALT00000004744_SF4	28	4,3	2144111	3803332
X603142039F1	28	4,7	2144111	3803332
X603864916F1	28	7,8	2144111	3803332
X603862309F1	28	14,1	2144111	3803332
X603865163F1	28	15,2	2144111	3803332
ENSGALT00000005236_CRTC1	28	5,2	2144111	3803332
X603600130F1	28	7,4	2818024	4212418
X603600130F1	28	7,4	2818024	4212418

trans eQTL

ENSGALT00000031996_ENSGALG00000008198	1	6,0	0	406616,00
X603599147F1	1	6,1	366532	2129951,00
ENSGALT00000041345_ENSGALG00000024432	1	6,7	34953886	37164711,00
ENSGALT00000030858_Q6VYQ9_CHICK	1	6,4	53791052	61816151,00
X603599638F1	1	6,6	71708614	81200026,00
ENSGALT00000009242_ENSGALG00000005756	1	7,3	73974022	81200026,00
ENSGALT00000018474_NEK10	1	8,6	79869493	84853091,00
ENSGALT00000026712_TM27	1	6,2	158224386	171456273,00
ENSGALT00000014634_STEAP4	1	7,4	158224386	171456273,00
X603599277F1	1	7,3	171456273	177200150,00
ENSGALT00000036647_ENSGALG00000022793	1	6,3	182023225	190334672,00
X603602450F1	1	6,2	182023225	190334672,00
X603598770F1	1	8,6	182023225	190334672,00
X603142727F1	1	6,1	185988681	192029819,00
X603142727F1	1	6,1	185988681	192029819,00
X603865923F1	1	6,3	200157335	200400568,00
ENSGALT00000014188_Q08515_CHICK	2	6,5	19374198	23979784,00
ENSGALT00000031934_VASH2	2	6,6	19374198	23979784,00
ENSGALT00000012402_C10orf76	2	6,4	19374198	23979784,00
X603602192F1	2	6,1	19374198	23979784,00
X603142838F1	2	6,2	19374198	23979784,00
X603866246F1	2	6,2	21258215	122001442,00
X603865293F1	2	9,1	45477693	51905237,00
NM_001033643_CR1L	2	6,0	63190640	67567760,00
ENSGALT00000037058_RAP1GAP	2	6,5	116617839	122001442,00
ENSGALT00000026026_PSCA	2	6,1	118557441	122001442,00
ENSGALT00000028942_gga.mir.29a	2	6,9	154026560	154682550,00
X603600958F1	3	6,5	19002192	25988814,00
ENSGALT00000015254_ACCN5	3	6,5	27044082	31683357,00
ENSGALT00000037384_ENSGALG00000022999	3	6,5	29563951	35110420,00
X603577242F1	3	7,8	106743551	110258389,00
ENSGALT00000016016_FOXG1_CHICK	3	6,9	106743551	110258389,00
ENSGALT00000001708_LOC419390	3	12,8	106743551	110258389,00

ENSGALT00000035200_LOC419390	3	7,7	106743551	110258389,00
NM_001006276_RFC3	4	8,2	1267185	3665369,00
ENSGALT00000037384_ENSGALG00000022999	4	7,8	1267185	1816999,00
NM_205343_ASMT	4	7,1	9694471	11442136,00
X603862324F1	4	6,7	9694471	12433131,00
ENSGALT00000021664_GYS2	4	6,4	15351471	29505460,00
X603862676F1	4	6,1	30479695	34600626,00
X603600966F1	4	6,8	53839212	59340250,00
ENSGALT00000036505_ENSGALG00000022741	4	7,8	79090159	83961289,00
ENSGALT00000014634_STEAP4	5	6,7	39187331	45899976,00
ENSGALT00000037384_ENSGALG00000022999	5	6,5	54756251	59333159,00
X603864553F1	7	6,5	12322416	14469650,00
ENSGALT00000037680_C4orf32	7	7,3	12322416	14469650,00
NM_001030636_TOP3A	7	6,5	13578026	16301838,00
NM_001012880_PRIM2	7	9,6	15017822	17907290,00
NM_204438_CCL20	7	15,2	15017822	17907290,00
NM_204765_MEOX1	7	8,4	15017822	17907290,00
ENSGALT00000031027_SPB10_CHICK	7	10,2	16301838	19669162,00
ENSGALT00000037186_FANCM	9	7,4	17633781	23249432,00
X603142454F1	10	6,1	3610700	6830363,00
ENSGALT00000026377_Q5F3B4_CHICK	10	6,5	9525779	13319695,00
ENSGALT00000036634_Q5F3B4_CHICK	10	7,9	9525779	13319695,00
NM_205159_MYL3	10	8,3	17399683	20781391,00
ENSGALT00000007043_PIGB	10	6,2	17399683	20781391,00
X603599029F1	11	6,2	1303458	5192111,00
ENSGALT00000039200_PIM3	12	6,9	1215858	5341982,00
ENSGALT00000040727_PSM11	12	6,1	1215858	5341982,00
ENSGALT00000041040_LOC426373	12	6,1	1215858	5341982,00
ENSGALT00000040323_C11orf2	12	6,2	1649965	5341982,00
ENSGALT00000016866_LRRC41	12	6,4	1649965	5341982,00
ENSGALT00000004187_ENSGALG00000021472	12	6,1	1649965	5341982,00
ENSGALT00000008014_SMCR7	12	6,2	1649965	5341982,00
ENSGALT00000012813_RNF215	12	6,3	1649965	5341982,00
ENSGALT00000014848_ENSGALG00000009124	12	6,2	1649965	5341982,00
ENSGALT00000039033_Q90689_CHICK	12	7,3	1649965	5341982,00
ENSGALT00000039242_ENSGALG00000023592	12	7,1	1649965	2483263,00
ENSGALT00000041153_ENSGALG00000024345	12	6,1	1649965	5341982,00
NM_001012842_BSDC1	12	6,2	1649965	5341982,00
X603864687F1	12	6,3	1649965	5341982,00
X603142827F1	12	6,6	2181145	5341982,00
ENSGALT00000005827_NTNG2	12	6,8	2181145	5341982,00
ENSGALT00000038359_SLC25A10	12	6,4	2181145	5341982,00
X603864922F1	12	6,1	14051161	18023160,00
ENSGALT00000023113_SLC25A22	12	6,0	14051161	18023160,00
ENSGALT00000031336_ENSGALG00000019731	13	6,4	1519484	4116054,00
ENSGALT00000021111_Q5ZKV2_CHICK	13	6,5	2424019	8702725,00
ENSGALT00000006763_A4L9I7_CHICK	14	7,2	5716424	10172497,00
X603597584F1	14	6,2	5716424	10172497,00
NM_204897_SERPINB10	15	7,1	4043393	9388341,00
X603597236F1	15	6,1	4043393	9388341,00
X603862655F1	15	9,5	4043393	9388341,00
X603868108F1	15	7,1	4043393	9388341,00
NM_206990_UTS2	15	11,5	4043393	9388341,00

X603862324F1	18	7,1	536515	4226902,00
X603602064F1	18	6,1	4226902	7417296,00
X603867663F1	25	6,8	1382096	2000000,00
X603866524F1	25	6,1	1382096	2000000,00
ENSGALT00000041377_LOC428499	25	6,5	1382096	2000000,00
ENSGALT00000031581_ENSGALG00000016493	25	6,2	1382096	2000000,00
ENSGALT00000032066_ENSGALG00000014401	25	7,4	1382096	2000000,00
ENSGALT00000042595_U6	25	6,4	1382096	2000000,00
ENSGALT00000034985_LRRC38	25	6,5	1382096	2000000,00
ENSGALT00000010544_NCAPG2	25	6,0	1799755	2000000,00
X603862865F1	28	6,5	991556	1608048,00
X603142079F1	8_random	8,1	33415	387677,00
NM_001012596_FAM129A	8_random	15,4	33415	379929,00
NM_001012596_FAM129A	8_random	15,4	33415	379929,00
X603141830F1	8_random	12,0	33415	387677,00
