

Supplementary Table S1. 635 SNPs information for specific species and cultivars obtained from *Papaver somniferum* reference genome and assembled total transcriptome in this study (**P*-value)

No.	SNP ID	Variant type	Minor Allele	Major Allele	NO vs. REST	NW vs. REST	NP vs. REST	NS vs. REST	NY vs. REST	PS vs. REST	RS vs. REST
1	chr7:259325812	downstream_gene_variant	G	A	0.0742*	0.0742	0.2475	8.39E-11	0.05469	0.1537	0.8481
2	chr4:101665025	3_prime_UTR_variant	C	T	0.06561	0.2166	0.04765	5.22E-10	0.2166	0.1506	0.3847
3	chr5:214577368	synonymous_variant	A	C	0.4033	0.07218	0.07218	5.90E-10	0.07218	0.1903	0.5658
4	chr8:128254122	missense_variant	G	T	0.03685	0.0843	0.0843	2.13E-09	0.5896	0.05283	0.05937
5	chr3:21894774	missense_variant	A	T	0.1133	0.08852	0.384	6.99E-09	0.08852	0.1422	0.3482
6	chr5:141967375	upstream_gene_variant	G	A	0.3027	0.1835	0.3027	1.16E-08	0.0241	0.02434	0.01385
7	unplaced-scaffold_137:13711762	synonymous_variant	A	T	0.1732	0.1423	0.1423	1.92E-08	0.2094	0.268	0.9578
8	chr4:119089859	missense_variant	G	T	0.01647	0.9543	0.4915	1.93E-08	0.009885	0.07904	0.1238
9	chr4:84369770	downstream_gene_variant	A	G	0.04501	0.9618	0.1461	2.48E-08	0.03106	0.1291	0.2947
10	chr5:141460088	3_prime_UTR_variant	T	A	0.1175	0.5003	0.1175	2.60E-08	0.09175	0.2211	0.7223
11	chr4:59784535	missense_variant	T	C	0.136	0.6948	0.1082	3.96E-08	0.1082	0.2414	0.8283
12	chr7:239961339	missense_variant	A	G	0.3772	0.04156	0.0283	4.00E-08	0.0283	0.1262	0.2838
13	unplaced-scaffold_21:2843456	synonymous_variant	C	T	0.3898	0.02112	0.02112	4.34E-08	0.9181	0.04245	0.03941
14	chr3:24137688	missense_variant	G	T	0.3243	0.2475	0.2475	6.23E-08	0.05469	0.1695	0.4687
15	chr7:199596515	synonymous_variant	G	A	0.1549	0.003292	0.3895	6.32E-08	0.003292	0.01128	0.01225
16	chr9:6414583	synonymous_variant	C	T	0.4033	0.07218	0.3179	6.90E-08	0.07218	0.1102	2.19E-13
17	chr9:131781674	missense_variant	A	T	0.4033	0.07218	0.3179	6.90E-08	0.07218	0.187	0.6202
18	unplaced-scaffold_7:11350	missense_variant	C	G	0.2782	0.1416	0.5879	7.34E-08	0.02933	0.1303	0.3544
19	chr1:48628659	downstream_gene_variant	C	A	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.06471	0.2377
20	chr1:62425644	synonymous_variant	A	G	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.05849	0.2022
21	chr3:21949915	synonymous_variant	T	C	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2313	0.7704

22	chr6:97357445	missense_variant	T	A	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.06471	0.2377
23	chr6:137066808	5_prime_UTR_variant	A	G	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2313	0.7704
24	chr7:4373563	missense_variant	G	A	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2313	0.7704
25	chr7:134286575	3_prime_UTR_variant	A	G	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2313	0.7704
26	chr7:229801379	downstream_gene_variant	A	G	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2313	0.7704
27	chr7:237264080	synonymous_variant	C	T	0.5616	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.06471	0.08611
28	chr9:7447555	synonymous_variant	G	T	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2176	0.7801
29	chr10:90380933	synonymous_variant	C	T	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.3714	0.7059
30	chr11:106698721	missense_variant	T	A	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2245	0.8922
31	unplaced-scaffold_19:12358931	synonymous_variant	T	A	0.1355	0.1084	0.4633	7.80E-08	0.1084	0.2313	0.7704
32	unplaced-scaffold_21:8174309	synonymous_variant	A	G	0.2284	0.03539	4.83E-13	0.03539	0.05058	0.1262	0.6506
33	chr7:242821166	synonymous_variant	A	G	0.1355	0.1084	4.27E-10	0.1084	0.1084	0.06471	0.2377
34	unplaced-scaffold_21:8174252	synonymous_variant	A	G	0.09464	0.07218	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.1727	0.4825
35	unplaced-scaffold_21:2747378	synonymous_variant	C	T	0.4401	0.03712	2.67E-09	0.03712	0.2411	0.1475	0.3718
36	unplaced-scaffold_21:2747384	synonymous_variant	A	T	0.4401	0.03712	2.67E-09	0.03712	0.2411	0.1475	0.3718
37	chr2:6081065	missense_variant	A	G	0.483	0.2731	2.70E-09	0.04292	0.04292	0.1444	0.359
38	chr11:128732401	missense_variant	A	C	0.3412	0.05873	6.22E-09	0.05873	0.2627	0.1727	0.4825
39	unplaced-scaffold_150:4159603	downstream_gene_variant	C	A	0.5186	0.009823	6.27E-09	0.734	0.03046	0.0112	0.01204
40	chr5:186996436	downstream_gene_variant	A	G	0.8252	0.1658	6.87E-09	0.03539	0.03539	0.05097	0.162
41	chr1:38168007	synonymous_variant	T	C	0.1133	0.08852	6.99E-09	0.384	0.08852	0.0206	1.35E-09
42	chr6:15236013	intergenic_region	T	A	0.2568	0.1892	7.46E-09	0.1892	0.05713	0.353	0.3715
43	chr3:2945707	synonymous_variant	C	G	0.3852	0.3013	7.97E-09	0.06766	0.06766	0.1144	0.239
44	chr3:2945713	synonymous_variant	C	T	0.3852	0.3013	7.97E-09	0.06766	0.06766	0.05652	0.06528
45	chr3:2945716	synonymous_variant	C	T	0.3852	0.3013	7.97E-09	0.06766	0.06766	0.1144	0.239
46	unplaced-scaffold_21:2747338	missense_variant	A	G	0.2902	0.09078	1.10E-08	0.01805	0.4302	0.09829	0.4556
47	unplaced-scaffold_21:2747342	synonymous_variant	C	A	0.2902	0.09078	1.10E-08	0.01805	0.4302	0.09829	0.4556

48	chr6:2099249	synonymous_variant	G	C	0.214	0.7934	1.14E-08	0.03231	0.03231	0.1363	0.3245
49	chr4:153403224	missense_variant	G	A	0.593	0.1461	2.48E-08	0.1461	0.03106	0.1291	0.2947
50	unplaced-scaffold_3:2776366	missense_variant	T	A	0.4179	0.09659	2.89E-08	0.1257	0.0735	0.1963	0.5991
51	chr10:151474707	3_prime_UTR_variant	G	A	0.4233	0.09196	3.77E-08	0.003941	0.8613	0.01353	0.01693
52	chr10:155614425	synonymous_variant	A	T	0.6201	0.04765	4.57E-08	0.04765	0.04765	0.1567	0.4104
53	unplaced-scaffold_132:8364140	intergenic_region	G	A	0.2882	0.04765	4.57E-08	0.2166	0.2166	0.1291	0.8457
54	chr8:99081632	missense_variant	T	A	0.1112	0.0226	5.28E-08	0.4268	0.01405	0.09829	0.1831
55	chr1:205549330	missense_variant	C	G	0.1936	0.162	5.38E-08	0.162	0.162	0.09631	0.1763
56	chr2:81504797	synonymous_variant	C	T	0.1936	0.162	5.38E-08	0.162	0.162	0.1062	0.2097
57	chr2:134406572	synonymous_variant	G	A	0.1936	0.162	5.38E-08	0.162	0.162	0.08727	0.1479
58	chr11:135414013	missense_variant	T	C	0.4435	0.04103	6.78E-08	0.007741	0.1547	0.06264	0.2816
59	unplaced-scaffold_21:4994355	synonymous_variant	A	T	0.4033	0.07218	6.90E-08	0.3179	0.07218	0.1291	0.2947
60	chr5:193433150	missense_variant	T	C	0.5616	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.2313	0.7704
61	chr5:193538622	synonymous_variant	G	A	0.5616	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.2313	0.7704
62	chr7:720865	missense_variant	T	C	0.5616	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.2313	0.7704
63	chr7:12524838	synonymous_variant	T	C	0.5616	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.2245	0.8922
64	chr7:242821145	synonymous_variant	A	T	0.1355	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.2313	0.7704
65	chr8:3279394	missense_variant	T	C	0.5616	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.1062	0.2097
66	chr9:28520227	synonymous_variant	T	C	0.5616	0.1084	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.07083	0.001595
67	chr3:130859025	synonymous_variant	A	G	0.01422	0.9497	8.40E-08	0.05946	0.2512	0.003334	0.00139
68	chr3:204156802	synonymous_variant	A	G	0.4028	0.0507	9.74E-08	0.6641	0.0507	0.1663	0.4549
69	chr4:106819895	synonymous_variant	T	C	0.09464	0.3179	0.07218	0.07218	5.90E-10	2.84E-07	4.58E-08
70	chr6:173655078	intergenic_region	C	T	0.09464	0.3179	0.07218	0.07218	5.90E-10	0.3279	0.5067
71	chr6:173655080	intergenic_region	C	T	0.09464	0.3179	0.07218	0.07218	5.90E-10	0.3279	0.5067
72	chr8:9700057	3_prime_UTR_variant	A	G	0.09464	0.3179	0.07218	0.07218	5.90E-10	6.89E-08	2.70E-06
73	chr1:12915673	synonymous_variant	C	T	0.6183	0.07891	0.01586	0.01586	1.03E-09	0.08727	0.3786

74	unplaced-scaffold_22:368209	synonymous_variant	T	G	0.2094	0.1423	0.1423	0.1423	1.08E-09	0.2336	1.91E-08
75	chr2:31192818	synonymous_variant	A	G	0.07889	0.7263	0.05873	0.05873	6.22E-09	3.59E-07	0.000133
76	unplaced-scaffold_132:21301907	downstream_gene_variant	C	T	0.07889	0.7263	0.05873	0.05873	6.22E-09	1.01E-06	3.54E-11
77	chr11:25487204	synonymous_variant	C	T	0.1133	0.384	0.08852	0.08852	6.99E-09	3.04E-11	0.01009
78	chr4:33703719	synonymous_variant	A	G	0.1556	0.1556	0.1265	0.1265	7.81E-09	1.23E-13	0.1267
79	chr11:130649311	synonymous_variant	A	G	0.1324	0.08863	0.2997	0.1324	1.92E-08	1.24E-10	0.04683
80	chr3:72772415	synonymous_variant	C	T	0.06561	0.2166	0.6235	0.04765	4.57E-08	1.43E-06	4.23E-06
81	chr4:117441603	synonymous_variant	A	C	0.777	0.2166	0.04765	0.04765	4.57E-08	2.41E-06	1.61E-11
82	chr6:110294587	synonymous_variant	T	C	0.777	0.2166	0.04765	0.04765	4.57E-08	2.02E-07	1.61E-06
83	chr8:33058845	upstream_gene_variant	A	G	0.2882	0.6235	0.04765	0.04765	4.57E-08	1.36E-06	6.41E-11
84	unplaced-scaffold_99:6655689	synonymous_variant	C	T	0.06561	0.2166	0.6235	0.04765	4.57E-08	5.44E-07	1.47E-08
85	unplaced-scaffold_80:2081379	synonymous_variant	C	A	0.2882	0.6235	0.04765	0.04765	4.57E-08	7.15E-09	0.6585
86	chr7:239387027	synonymous_variant	T	C	0.1324	0.7687	0.08863	0.01787	4.95E-08	0.1036	0.2007
87	chr8:23568769	synonymous_variant	C	T	0.4268	0.0722	0.01405	0.03562	5.28E-08	1.05E-09	0.2484
88	chr8:9700015	3_prime_UTR_variant	C	T	0.1936	0.162	0.162	0.162	5.38E-08	0.1422	0.3482
89	chr8:16585662	synonymous_variant	A	C	0.1936	0.162	0.162	0.162	5.38E-08	0.08727	0.1479
90	chr11:83398947	synonymous_variant	T	A	0.1936	0.162	0.162	0.162	5.38E-08	0.08727	0.1479
91	chr6:168039788	synonymous_variant	T	A	0.259	0.0456	0.4568	0.1702	5.62E-08	0.07445	0.1405
92	unplaced-scaffold_131:257915	missense_variant	A	T	0.3974	0.02036	0.5896	0.0843	6.87E-08	0.05097	0.07378
93	chr3:228695988	5_prime_UTR_variant	G	T	1	0.07218	0.07218	0.07218	6.90E-08	0.1903	0.5658
94	chr4:25019466	synonymous_variant	G	A	0.4033	0.3179	0.07218	0.07218	6.90E-08	0.2841	0.5216
95	unplaced-scaffold_75:1290819	3_prime_UTR_variant	G	A	0.09464	0.3179	0.3179	0.07218	6.90E-08	0.1663	0.2291
96	unplaced-scaffold_75:1290822	3_prime_UTR_variant	T	A	0.09464	0.3179	0.3179	0.07218	6.90E-08	0.1663	0.2291
97	chr1:10089659	synonymous_variant	A	G	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2313	0.7704
98	chr1:13510277	synonymous_variant	A	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2313	0.7704
99	chr1:222064263	intergenic_region	C	G	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2313	0.7704

100	chr2:210895903	missense_variant	T	C	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2176	0.9669
101	chr3:48303658	3_prime_UTR_variant	C	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	2.09E-11	2.46E-05
102	chr4:16761084	intron_variant	A	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.07155	0.1033
103	chr4:16761114	intron_variant	A	C	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.07155	0.1033
104	chr4:16762794	synonymous_variant	C	A	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.07155	0.1033
105	chr4:29862948	synonymous_variant	A	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.1923	1.29E-08
106	chr4:110075906	intergenic_region	A	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.07674	0.1173
107	chr5:214078214	synonymous_variant	C	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	1.00E-11	9.03E-05
108	chr6:174205641	synonymous_variant	A	G	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2313	0.7704
109	chr8:9700133	3_prime_UTR_variant	T	C	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2313	0.7704
110	chr8:9706589	upstream_gene_variant	C	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.1567	0.07115
111	chr8:9707425	upstream_gene_variant	A	G	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.07155	0.1033
112	chr8:9707522	upstream_gene_variant	G	A	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2313	0.7704
113	chr8:9707523	upstream_gene_variant	C	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2313	0.7704
114	chr8:12901095	synonymous_variant	C	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.2279	0.829
115	unplaced-scaffold_18:5833454	synonymous_variant	C	T	0.1355	0.4633	0.1084	0.1084	7.80E-08	0.1171	0.2489
116	chr4:106805516	upstream_gene_variant	C	T	0.1869	0.1555	0.1869	0.1555	8.08E-08	0.06264	0.08108
117	chr1:229439500	synonymous_variant	T	C	0.4525	0.005541	0.01422	0.6319	8.40E-08	2.17E-06	0.5311
118	chr2:149969721	synonymous_variant	C	T	0.08439	4.98E-10	0.06317	0.7783	0.06317	0.1599	0.4271
119	chr1:32561518	synonymous_variant	A	T	0.05058	2.95E-10	0.03539	0.5042	0.1658	0.06264	0.08108
120	chr2:64444031	synonymous_variant	A	G	0.09078	2.46E-10	0.05714	0.7426	0.01087	0.02434	0.01385
121	chr8:42656087	synonymous_variant	G	A	0.06561	3.48E-12	0.04765	0.2166	0.04765	0.1567	0.4104
122	chr4:45830891	synonymous_variant	C	T	0.1425	4.41E-11	0.08619	0.3851	0.08619	0.1599	0.4271
123	chr6:18480580	3_prime_UTR_variant	C	T	0.008525	1.09E-11	0.00466	0.1038	0.859	0.01611	0.00641
124	chr6:58448114	5_prime_UTR_premature_start_codon_gain_variant	A	C	0.07889	6.22E-09	0.05873	0.7263	0.05873	0.1599	0.4271

125	chr6:16134284	synonymous_variant	T	A	0.07889	4.68E-11	0.05873	0.2627	0.05873	0.2252	0.5049
126	chr6:105527415	missense_variant	T	C	0.0742	8.39E-11	0.05469	0.2475	0.0742	0.1631	0.441
127	unplaced-scaffold_81:6044259	intergenic_region	C	T	0.0371	2.65E-11	0.1194	0.1194	0.1194	0.09125	0.1602
128	chr6:16061791	synonymous_variant	G	A	0.03896	1.37E-09	0.08027	0.2769	0.2769	0.05262	0.07789
129	chr3:31969842	upstream_gene_variant	C	G	0.1235	7.62E-10	0.09731	0.4247	0.09731	0.2245	0.7385
130	chr3:31164994	3_prime_UTR_variant	G	C	0.08439	7.47E-11	0.06317	0.08439	0.2847	0.1772	0.5742
131	chr11:126764756	intergenic_region	T	C	0.08439	8.71E-08	0.06317	0.7783	0.2847	0.1805	0.5897
132	unplaced-scaffold_24:4481807	synonymous_variant	T	C	0.03047	1.87E-12	0.01993	0.09726	0.3227	0.03131	0.02246
133	chr3:31943659	synonymous_variant	T	C	0.03047	1.87E-12	0.01993	0.09726	0.3227	0.03815	0.01676
134	chr8:42655378	synonymous_variant	G	C	0.05296	2.37E-11	0.03712	0.3271	0.05296	0.1475	0.3718
135	chr3:34259089	synonymous_variant	C	T	0.1078	1.98E-12	0.0835	0.0835	0.0835	0.1116	0.2291
136	chr2:77035070	missense_variant	T	C	0.3243	5.24E-10	0.05469	0.2475	0.05469	0.1599	0.6385
137	chr1:32959492	synonymous_variant	A	T	0.09464	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.07218	0.07904	0.1238
138	chr1:98211423	missense_variant	A	C	0.09464	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.07218	0.2133	0.605
139	chr3:35623680	downstream_gene_variant	T	A	0.09464	2.71E-12	0.07218	0.07218	0.07218	0.1903	0.5658
140	chr4:42754139	intergenic_region	G	C	0.09464	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.07218	0.09631	0.1763
141	chr9:121780928	synonymous_variant	G	A	0.09464	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.07218	0.187	0.5511
142	chr1:32959441	synonymous_variant	A	G	0.04501	3.45E-10	0.03106	0.9618	0.03106	0.1291	0.2947
143	chr6:18479839	synonymous_variant	C	T	0.04501	2.48E-08	0.03106	0.4528	0.4528	0.07155	0.1033
144	chr5:123782453	missense_variant	A	G	0.2882	5.22E-10	0.04765	0.2166	0.04765	0.1537	0.3976
145	chr3:52189306	synonymous_variant	G	C	0.09464	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.07218	0.1805	0.7457
146	chr4:83198994	3_prime_UTR_variant	G	A	0.08952	1.06E-07	0.06766	0.8104	0.08952	0.187	0.5511
147	chr2:155020677	intergenic_region	G	A	0.6926	3.10E-09	0.006689	0.3893	0.006689	0.06718	0.1181
148	chr2:65000131	splice_acceptor_variant&intron_variant	C	T	0.05187	6.55E-09	0.004927	0.06432	0.002469	0.03193	0.02319
149	chr7:229256158	missense_variant	A	T	0.1997	9.17E-10	0.04307	0.1416	0.1997	0.1333	0.3126
150	unplaced-scaffold_46:754260	missense_variant	C	A	0.02395	6.12E-10	0.0546	0.4451	0.1793	0.04298	0.04055

151	chr3:221806762	5_prime_UTR_variant	T	C	0.004187	6.12E-10	0.002067	0.0546	0.1203	7.02E-06	0.000699
152	chr7:243277994	downstream_gene_variant	C	T	0.02395	6.12E-10	0.6929	0.0546	0.01238	0.04298	0.04055
153	unplaced-scaffold_21:9226084	missense_variant	C	A	0.02493	1.38E-11	0.01586	0.07891	0.6551	0.02258	0.01215
154	chr6:52993585	missense_variant	C	T	0.04156	2.04E-09	0.0283	0.5478	0.0283	0.111	0.1886
155	chr2:65003695	synonymous_variant	G	A	0.09889	9.71E-09	0.00597	0.02898	0.0128	0.004227	0.003817
156	chr2:65003674	synonymous_variant	G	C	0.1518	1.19E-08	0.002255	0.05916	0.02587	0.009319	0.00372
157	chr2:58961526	missense_variant	A	T	0.5148	1.19E-07	0.02493	0.8518	0.02493	0.1171	0.2489
158	chr1:37206423	synonymous_variant	G	A	0.1492	3.25E-06	0.1204	0.7958	0.1204	0.1997	0.2874
159	unplaced-scaffold_21:6492029	synonymous_variant	T	G	0.6747	1.93E-08	0.1873	0.1873	0.009885	0.07155	0.2785
160	chr11:131436079	synonymous_variant	A	C	0.2805	1.93E-08	0.4915	0.1873	0.009885	0.07155	0.2785
161	unplaced-scaffold_21:9224687	missense_variant	A	G	0.03819	3.29E-11	0.03819	0.1242	0.3992	0.1176	0.2515
162	unplaced-scaffold_24:4482984	missense_variant	G	A	0.1296	1.03E-08	0.1028	0.4441	0.1028	0.2279	0.7545
163	unplaced-scaffold_24:4482985	synonymous_variant	A	G	0.1296	1.03E-08	0.1028	0.4441	0.1028	0.2279	0.7545
164	chr6:14104619	synonymous_variant	G	A	0.1296	1.03E-08	0.1028	0.4441	0.1028	0.2211	0.7223
165	chr6:18379442	missense_variant	A	T	0.1296	1.03E-08	0.1028	0.4441	0.1028	0.1061	0.2097
166	chr6:18379443	missense_variant	C	T	0.1296	1.03E-08	0.1028	0.4441	0.1028	0.2176	0.7059
167	unplaced-scaffold_116:244960	missense_variant	C	T	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
168	chr1:32959473	missense_variant	A	G	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2115	1.23E-06
169	chr1:98211398	stop_gained	A	G	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2064	0.7182
170	chr2:33156966	synonymous_variant	G	T	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
171	chr5:91653558	synonymous_variant	C	T	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
172	chr5:94920152	missense_variant	A	G	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2064	0.7182
173	chr5:94920892	synonymous_variant	C	T	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
174	chr5:122257356	missense_variant	T	A	0.1133	3.50E-11	0.08852	0.08852	0.08852	0.2097	0.6613
175	chr5:132287429	synonymous_variant	G	A	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
176	chr5:194414752	synonymous_variant	G	T	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.9698	0.08852	0.2097	0.6613

177	chr9:121781099	synonymous_variant	G	A	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
178	chr10:21458124	3_prime_UTR_variant	A	T	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.1983	0.4687
179	chr9:125810489	synonymous_variant	C	T	0.05442	2.52E-07	0.03854	0.5326	0.5326	0.03871	0.1028
180	chr8:153269349	synonymous_variant	C	A	0.3852	7.97E-09	0.06766	0.3013	0.06766	0.1393	0.3363
181	chr9:151517037	intergenic_region	C	T	0.1424	6.87E-08	0.2573	0.0843	0.2573	0.05283	0.05937
182	unplaced-scaffold_158:2741063	synonymous_variant	T	C	0.09464	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.07218	0.07674	0.000273
183	chr1:35432443	synonymous_variant	C	T	0.07889	4.68E-11	0.05873	0.05873	0.2627	0.1009	0.6442
184	chr3:52189450	synonymous_variant	A	G	0.09464	5.90E-10	0.07218	0.3179	0.07218	0.1727	0.9805
185	chr4:83199003	3_prime_UTR_variant	A	G	0.09464	6.90E-08	0.07218	0.8417	0.07218	0.08727	0.002033
186	chr6:131730249	synonymous_variant	A	G	0.5204	9.01E-08	0.001067	0.5789	0.06572	0.0112	0.005142
187	unplaced-scaffold_158:2741077	missense_variant	C	A	0.1078	1.12E-08	0.0835	0.3661	0.1078	0.1009	0.002651
188	chr3:222416027	5_prime_UTR_variant	G	A	0.009395	1.39E-09	0.2988	0.0211	0.0211	0.02811	0.01835
189	chr6:178541522	synonymous_variant	C	T	0.7275	1.30E-08	0.02644	0.4177	0.1298	0.151	0.4931
190	chr5:95445711	intergenic_region	G	A	0.05058	2.84E-08	0.03539	0.5042	0.5042	1.50E-07	0.03598
191	chr10:165670727	synonymous_variant	A	G	0.1379	8.23E-08	0.01914	0.08075	0.5229	0.06392	0.03149
192	chr1:222790153	missense_variant	T	C	0.1272	9.10E-08	0.3587	0.01632	0.01632	0.02258	0.04125
193	chr11:56423585	intergenic_region	A	C	0.1022	1.80E-08	0.07849	0.4376	0.1022	0.1363	0.3245
194	chr4:1306398	synonymous_variant	C	T	0.01068	6.71E-09	0.006025	0.1271	0.3599	0.01805	0.007957
195	chr7:164995948	synonymous_variant	T	C	0.0152	1.43E-07	0.3271	0.6799	0.1218	0.03193	0.02319
196	chr2:58961504	missense_variant	C	T	0.445	4.76E-07	0.01993	0.7494	0.09726	0.1062	0.2097
197	chr2:9390823	downstream_gene_variant	G	A	0.01138	2.25E-07	0.02579	0.5424	0.3147	0.01056	0.002813
198	chr5:94764321	missense_variant	C	T	0.1257	2.89E-08	0.09659	0.4179	0.0735	0.1997	0.6149
199	chr7:237006275	synonymous_variant	G	A	0.3073	4.72E-09	0.0507	0.2324	0.2324	0.03646	3.06E-05
200	chr8:42656072	synonymous_variant	C	T	0.9522	3.10E-09	0.006689	0.06079	0.1394	0.06264	0.226
201	unplaced-scaffold_79:296374	synonymous_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2097	0.7725
202	unplaced-scaffold_24:590984	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07155	0.1033

203	unplaced-scaffold_23:676837	synonymous_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
204	unplaced-scaffold_24:705043	synonymous_variant	A	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
205	unplaced-scaffold_24:937749	missense_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.3278	0.7223
206	unplaced-scaffold_115:1148252	3_prime_UTR_variant	A	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
207	unplaced-scaffold_24:2584757	downstream_gene_variant	T	C	0.1296	1.18E-07	0.1028	0.4441	0.1296	0.252	0.7966
208	unplaced-scaffold_115:3497777	synonymous_variant	A	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
209	unplaced-scaffold_158:4111702	synonymous_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
210	unplaced-scaffold_115:4142307	3_prime_UTR_variant	A	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
211	unplaced-scaffold_115:4142385	3_prime_UTR_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
212	unplaced-scaffold_115:4142768	3_prime_UTR_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
213	unplaced-scaffold_115:4142789	3_prime_UTR_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.7716	0.6613
214	unplaced-scaffold_115:4142844	3_prime_UTR_variant	T	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
215	unplaced-scaffold_115:4143419	3_prime_UTR_variant	G	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
216	unplaced-scaffold_24:5233534	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
217	unplaced-scaffold_125:12091081	intergenic_region	A	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07904	0.1238
218	unplaced-scaffold_137:20203653	intergenic_region	T	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
219	chr1:4558995	3_prime_UTR_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2097	0.7725
220	chr1:18946466	intergenic_region	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
221	chr1:33507678	upstream_gene_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
222	chr1:33507725	upstream_gene_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
223	chr1:55285818	missense_variant	G	A	0.1296	7.17E-10	0.1028	0.1028	0.1296	0.2279	0.7545
224	chr1:127141189	missense_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
225	chr1:127141201	missense_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
226	chr2:40490411	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07904	0.1238
227	chr2:100090859	missense_variant	T	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
228	chr3:24563052	synonymous_variant	A	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.08727	0.1479

229	chr3:26098967	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
230	chr3:26450939	synonymous_variant	T	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
231	chr3:28074905	synonymous_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
232	chr3:28960843	synonymous_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07155	0.1033
233	chr3:28962055	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.08902	0.09764
234	chr3:29342619	synonymous_variant	A	G	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.8896	0.1084	0.2279	0.7545
235	chr3:31351975	synonymous_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07904	0.1238
236	chr3:32512310	upstream_gene_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2097	0.7725
237	chr3:34446774	synonymous_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
238	chr3:34804160	synonymous_variant	C	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
239	chr3:36933069	missense_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
240	chr3:37802149	missense_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2097	0.7725
241	chr3:86099014	3_prime_UTR_variant	T	C	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.8896	0.1084	0.2313	0.7704
242	chr4:44441251	missense_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
243	chr4:46149641	synonymous_variant	G	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
244	chr4:46150503	synonymous_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
245	chr4:46205102	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
246	chr4:46205978	synonymous_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
247	chr5:94920652	synonymous_variant	C	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
248	chr5:94922243	synonymous_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
249	chr5:94957620	synonymous_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
250	chr5:121539278	missense_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
251	chr5:123784600	missense_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
252	chr5:131304948	synonymous_variant	C	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
253	chr5:132467205	intergenic_region	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
254	chr5:132474491	intergenic_region	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2245	0.8922

255	chr5:132475797	intergenic_region	G	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
256	chr5:171384131	missense_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
257	chr5:171384142	synonymous_variant	G	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07155	0.1033
258	chr5:194626857	synonymous_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
259	chr5:194626878	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
260	chr5:194626894	synonymous_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.01254	0.006336
261	chr5:209490357	synonymous_variant	G	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	2.41E-18	0.07199
262	chr6:15429451	missense_variant	T	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
263	chr6:15887310	synonymous_variant	T	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07155	0.1033
264	chr6:15888851	missense_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
265	chr6:15888898	missense_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
266	chr6:15889077	synonymous_variant	T	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.07155	0.1033
267	chr6:15892570	synonymous_variant	T	C	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	4.96E-11	0.008139
268	chr6:15892642	synonymous_variant	A	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.05283	0.1715
269	chr6:114509356	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.09631	0.1763
270	chr6:116612343	upstream_gene_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.1422	0.3482
271	chr7:720882	missense_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
272	chr7:24668349	missense_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
273	chr8:2326621	missense_variant	A	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
274	chr8:42654360	synonymous_variant	A	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
275	chr8:81726283	synonymous_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
276	chr8:93244689	missense_variant	T	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
277	chr9:56416613	missense_variant	T	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2682	0.8099
278	chr9:177051995	missense_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2279	0.829
279	chr11:64322237	synonymous_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
280	chr11:82338160	missense_variant	C	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704

281	chr11:110671009	missense_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
282	chr11:122946764	intergenic_region	C	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.1171	0.2489
283	chr2:88409244	synonymous_variant	A	G	0.1474	4.56E-08	0.1001	0.7717	0.1001	0.1088	0.2193
284	chr8:9700496	3_prime_UTR_variant	T	G	0.03104	2.34E-06	0.1001	0.7717	0.7717	0.1088	0.2643
285	unplaced-scaffold_24:4565685	synonymous_variant	C	T	0.06561	5.22E-10	0.04765	0.2166	0.2166	0.02322	0.618
286	chr6:17586522	synonymous_variant	A	T	0.06561	4.57E-08	0.04765	0.2166	0.6235	0.1567	0.4104
287	chr6:17834363	3_prime_UTR_variant	T	C	0.04501	1.11E-06	0.03106	0.1461	0.5125	2.14E-10	0.001289
288	unplaced-scaffold_21:1224296	synonymous_variant	C	T	0.0742	3.98E-06	0.2475	0.7087	0.05469	0.1695	0.4687
289	unplaced-scaffold_21:9224973	synonymous_variant	G	A	0.3243	5.24E-10	0.05469	0.2475	0.05469	0.02205	0.1153
290	chr6:17834384	3_prime_UTR_variant	A	T	0.0742	6.23E-08	0.05469	0.2475	0.6955	0.05652	0.06717
291	chr7:242822440	missense_variant	A	C	0.02342	1.61E-08	0.9787	0.139	0.04259	0.02147	0.01101
292	chr4:42753976	intergenic_region	G	A	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.1291	0.03958
293	chr4:42754177	intergenic_region	T	C	0.09464	6.90E-08	0.07218	0.8417	0.07218	0.1903	0.5658
294	chr5:123782497	synonymous_variant	C	T	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.1291	0.03958
295	chr6:117271410	synonymous_variant	C	T	0.09464	6.90E-08	0.07218	0.3179	0.3179	0.1062	0.2097
296	chr6:123056503	synonymous_variant	A	C	0.06561	2.33E-06	0.04765	0.2166	0.7996	4.96E-11	0.002074
297	chr7:229768048	synonymous_variant	C	A	0.4033	6.90E-08	0.07218	0.3179	0.07218	0.1903	0.5658
298	chr11:64322336	synonymous_variant	G	A	0.09464	6.90E-08	0.07218	0.3179	0.3179	0.1903	0.5658
299	unplaced-scaffold_24:2581778	intergenic_region	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.08245	0.2069
300	chr1:13512164	missense_variant	G	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.2279	0.829
301	chr1:36397313	synonymous_variant	G	A	0.1296	1.18E-07	0.1028	0.4441	0.1296	0.06936	0.09764
302	chr1:75270418	missense_variant	C	T	0.1296	1.18E-07	0.1028	0.4441	0.1296	0.2279	0.7545
303	chr8:153402330	missense_variant	T	A	0.1296	1.18E-07	0.1028	0.4441	0.1296	0.2031	0.8099
304	chr8:157699969	3_prime_UTR_variant	A	C	0.1296	1.18E-07	0.1296	0.4441	0.1028	0.1393	0.3363
305	chr11:122946171	intergenic_region	T	G	0.1296	1.18E-07	0.1028	0.4441	0.1296	0.2279	0.7545
306	unplaced-scaffold_150:2043412	synonymous_variant	T	C	0.06029	2.04E-05	0.04292	0.5997	0.3297	0.1599	0.4271

307	chr5:2490704	synonymous_variant	T	A	0.1592	1.11E-08	0.02254	0.6574	0.02254	0.1144	0.239
308	chr9:192831201	downstream_gene_variant	A	G	0.1324	1.96E-06	0.08863	0.3372	0.01787	0.08872	0.5501
309	chr5:93899535	synonymous_variant	G	C	0.004311	2.20E-08	0.1333	0.1333	0.8914	0.02021	0.009848
310	chr10:148504555	missense_variant	C	T	0.1492	2.18E-07	0.1204	0.5176	0.1492	0.2414	0.9836
311	chr2:117925273	missense_variant	G	C	0.04679	1.14E-08	0.214	0.1536	0.214	0.04417	0.1282
312	unplaced-scaffold_117:10537705	missense_variant	T	C	0.08692	3.46E-08	0.003516	0.04698	0.3685	0.0217	0.9952
313	chr6:97358346	synonymous_variant	T	C	0.1022	1.70E-07	0.4376	0.348	0.07849	0.2031	0.6305
314	chr2:112482445	missense_variant	G	T	0.1235	1.79E-07	0.1235	0.4247	0.1235	0.2245	0.7385
315	chr11:73444467	synonymous_variant	A	G	0.5974	5.31E-08	0.5974	0.06682	0.007458	0.01621	0.02308
316	chr7:229031210	missense_variant	A	T	0.1697	3.96E-08	0.1082	0.136	0.4752	0.2176	0.7129
317	chr8:154938929	synonymous_variant	C	T	0.2725	7.19E-08	0.04407	0.2029	0.2725	0.03051	0.04282
318	chr6:96526438	synonymous_variant	C	T	0.05779	1.18E-07	0.7275	0.1298	0.1298	0.01827	0.007993
319	chr6:96526441	synonymous_variant	G	A	0.05779	1.18E-07	0.7275	0.1298	0.1298	0.01827	0.007993
320	chr2:147447693	missense_variant	C	T	0.01914	1.19E-06	0.04352	0.3829	0.7845	0.03483	0.08616
321	chr2:155021614	intergenic_region	T	C	0.4407	2.05E-08	0.0546	0.01238	0.0546	0.007214	0.9737
322	chr4:1306368	synonymous_variant	G	A	0.006065	5.85E-08	0.002915	0.03995	0.0486	4.59E-05	3.45E-06
323	unplaced-scaffold_22:3918706	missense_variant	T	G	0.03514	2.06E-06	0.08075	0.08075	0.313	0.01273	0.01517
324	unplaced-scaffold_107:3371071	intergenic_region	T	C	0.1175	2.72E-07	0.1175	0.405	0.1491	0.2176	0.7801
325	unplaced-scaffold_24:4484231	synonymous_variant	A	G	0.1175	2.72E-07	0.1491	0.5003	0.09175	0.2211	0.7223
326	chr9:7894622	synonymous_variant	G	A	0.9481	2.23E-09	0.02493	0.02493	0.1194	0.03483	0.02742
327	chr9:7894628	synonymous_variant	G	T	0.9481	2.23E-09	0.02493	0.02493	0.1194	0.1171	0.2489
328	chr11:126200343	intergenic_region	G	A	0.0371	4.04E-06	0.1194	0.6183	0.1194	0.1171	0.2489
329	unplaced-scaffold_21:15716683	synonymous_variant	C	T	0.01476	1.17E-06	0.000948	0.134	0.5597	0.01816	0.007975
330	chr7:164994917	synonymous_variant	T	C	0.08195	1.74E-06	0.4959	0.4959	0.188	0.03968	0.03483
331	chr7:164994929	synonymous_variant	C	T	0.08195	1.74E-06	0.4959	0.4959	0.188	0.04417	0.04252
332	unplaced-scaffold_19:18593879	synonymous_variant	C	T	0.05442	2.52E-07	0.1781	0.5326	0.1781	0.1422	0.3482

333	chr1:35361800	missense_variant	G	A	0.05442	2.52E-07	0.03854	0.1781	0.9215	0.05283	0.000979
334	chr6:14957938	synonymous_variant	C	T	0.2882	4.57E-08	0.04765	0.2166	0.2166	0.05849	0.07158
335	chr6:97430892	synonymous_variant	A	T	0.05442	4.13E-09	0.5326	0.03854	0.1781	0.04298	0.04055
336	chr8:153267248	5_prime_UTR_variant	C	T	0.05442	2.52E-07	0.1781	0.1781	0.5326	0.1291	0.6697
337	unplaced-scaffold_73:177320	missense_variant	T	A	0.06135	3.56E-07	0.8364	0.2029	0.04407	0.1009	0.1918
338	unplaced-scaffold_150:4160295	downstream_gene_variant	C	T	0.02031	4.81E-09	0.01255	0.06375	0.4744	0.04767	0.04912
339	chr2:155023373	intergenic_region	G	A	0.2366	5.04E-08	0.01586	0.07891	0.01586	0.03483	0.02742
340	unplaced-scaffold_23:413647	synonymous_variant	A	G	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.08245	0.2069
341	unplaced-scaffold_81:3050798	synonymous_variant	T	A	0.162	4.92E-09	0.1325	0.1325	0.1325	0.09378	3.78E-06
342	unplaced-scaffold_115:3498236	synonymous_variant	C	T	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.2097	0.3094
343	unplaced-scaffold_115:3753847	missense_variant	A	T	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.1144	0.2859
344	chr1:20914646	synonymous_variant	A	T	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.2313	0.6418
345	chr1:35361427	synonymous_variant	T	A	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.07904	0.1238
346	chr1:35433127	synonymous_variant	C	T	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.06936	0.1246
347	chr1:79104170	missense_variant	G	A	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.09378	0.1682
348	chr2:69015292	missense_variant	T	C	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.1903	0.5658
349	chr3:131402609	synonymous_variant	G	A	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.07904	0.1238
350	chr4:45535426	synonymous_variant	C	T	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.07674	0.1173
351	chr5:159307674	3_prime_UTR_variant	C	T	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.09745	0.1173
352	chr6:12241963	upstream_gene_variant	A	G	0.1556	1.17E-06	0.1265	0.5383	0.1556	0.2727	0.9836
353	chr7:197649456	missense_variant	A	G	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.2097	0.6613
354	chr9:70493018	downstream_gene_variant	A	G	0.162	6.04E-05	0.1325	0.7382	0.1325	0.2097	0.6613
355	chr10:91098260	synonymous_variant	G	A	0.162	4.92E-09	0.1325	0.1325	0.1325	0.07904	0.1238
356	chr2:58961317	synonymous_variant	T	G	0.5174	2.68E-06	0.03444	0.1218	0.6799	0.03483	0.02742
357	chr4:1306374	synonymous_variant	C	T	0.009534	1.85E-07	0.004927	0.06432	0.09262	1.44E-05	6.12E-05
358	chr1:32959552	synonymous_variant	A	G	0.1001	2.94E-07	0.4589	0.06409	0.02025	0.06283	0.1357

359	unplaced-scaffold_0:595555	synonymous_variant	A	T	0.07889	6.22E-09	0.05873	0.05873	0.7263	0.1727	0.4825
360	chr4:45688845	downstream_gene_variant	G	A	0.07889	4.64E-07	0.05873	0.2627	0.7263	0.1663	0.5909
361	chr6:17830416	synonymous_variant	T	C	0.07889	4.64E-07	0.05873	0.2627	0.7263	0.1727	0.4825
362	chr7:229767040	missense_variant	G	A	0.07889	4.64E-07	0.2627	0.2627	0.2627	0.1695	0.5339
363	chr8:157700161	3_prime_UTR_variant	T	C	0.3412	6.22E-09	0.05873	0.05873	0.2627	0.05283	0.1715
364	chr1:199678481	synonymous_variant	C	T	0.05551	4.71E-06	0.006025	0.7602	0.7602	0.06471	0.08611
365	unplaced-scaffold_21:9577496	3_prime_UTR_variant	C	T	0.02979	3.81E-06	0.01593	0.09076	0.06806	0.02258	0.04125
366	chr2:129327863	synonymous_variant	T	C	0.6499	3.85E-07	0.1658	0.2284	0.03539	0.1393	0.3363
367	chr3:221333663	synonymous_variant	C	A	0.8275	4.56E-09	0.01405	0.0226	0.6301	0.08872	0.3905
368	unplaced-scaffold_47:126131	intergenic_region	T	C	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
369	unplaced-scaffold_24:3304238	missense_variant	G	C	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
370	unplaced-scaffold_158:4111570	synonymous_variant	G	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.1439	0.08724
371	unplaced-scaffold_19:18593669	synonymous_variant	A	G	0.1133	3.70E-05	0.08852	0.9698	0.384	0.2064	0.646
372	chr1:33452182	synonymous_variant	C	T	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.08852	0.384	0.1963	0.9207
373	chr1:64783623	missense_variant	G	A	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
374	chr1:77737389	synonymous_variant	C	T	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.06471	0.08611
375	chr1:80908881	intergenic_region	A	T	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
376	chr1:81098686	missense_variant	A	C	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
377	chr1:81098687	missense_variant	A	T	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
378	chr1:81187086	synonymous_variant	G	T	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.01424	0.01532
379	chr1:101982132	synonymous_variant	G	A	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.9698	0.08852	0.2097	0.6613
380	chr1:247532251	missense_variant	T	G	0.1133	6.99E-09	0.08852	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
381	chr3:14251196	intergenic_region	C	A	0.4761	7.11E-07	0.08852	0.384	0.08852	0.1903	0.8992
382	chr5:191214838	upstream_gene_variant	A	G	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.04767	1.29E-08
383	chr5:212878646	synonymous_variant	T	A	0.1133	7.11E-07	0.384	0.384	0.08852	0.1144	0.239
384	chr5:212879084	missense_variant	A	C	0.1133	7.11E-07	0.384	0.384	0.08852	0.2097	0.6613

385	chr6:15892717	synonymous_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.4633	0.1084	0.05142	0.001256
386	chr6:18378778	synonymous_variant	T	C	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
387	chr6:18379387	synonymous_variant	A	G	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.1291	0.03958
388	chr6:108215818	synonymous_variant	A	G	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
389	chr6:115168818	downstream_gene_variant	A	T	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
390	chr6:119110212	synonymous_variant	G	A	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.05849	0.2022
391	chr6:127134148	synonymous_variant	G	T	0.1133	7.11E-07	0.384	0.384	0.08852	0.2097	0.6613
392	chr7:228345650	synonymous_variant	G	A	0.4761	7.11E-07	0.08852	0.384	0.08852	0.1181	0.00075
393	chr7:228345692	synonymous_variant	G	C	0.4761	7.11E-07	0.08852	0.384	0.08852	0.05849	0.2022
394	chr7:243276141	intergenic_region	T	A	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.384	0.384	0.2097	0.6613
395	chr7:230744055	intergenic_region	A	C	0.05422	7.06E-06	0.5211	0.1247	0.7588	0.03562	0.02846
396	chr6:17581044	synonymous_variant	G	T	0.05713	1.13E-07	0.04055	0.05713	0.6874	0.1475	0.4311
397	chr5:2520090	synonymous_variant	A	G	0.0889	1.52E-07	0.6322	0.2902	0.04677	0.1631	0.441
398	chr1:77039885	synonymous_variant	T	C	0.1869	1.93E-06	0.1555	0.6521	0.1555	0.1036	0.2007
399	chr3:136884226	5_prime_UTR_premature_start_codon_gain_variant	G	A	0.1869	8.08E-08	0.1555	0.1869	0.1555	0.09378	0.1682
400	unplaced-scaffold_131:258029	synonymous_variant	G	A	0.5974	4.59E-06	0.007458	0.09016	0.007458	0.02038	0.009931
401	chr2:85063780	synonymous_variant	T	A	0.8525	6.92E-07	0.0742	0.2475	0.05469	0.1663	0.5194
402	chr3:221333530	missense_variant	T	A	0.182	1.07E-07	0.5314	0.005341	0.5314	0.002769	0.001
403	chr3:15222919	synonymous_variant	C	T	0.1296	1.03E-08	0.1028	0.4441	0.1028	0.2279	0.7545
404	chr6:118275060	upstream_gene_variant	T	A	0.1078	8.88E-06	0.0835	0.3661	0.9387	2.09E-11	0.01215
405	chr2:216939311	synonymous_variant	T	C	0.004739	2.52E-07	0.2727	0.3653	0.6024	0.009975	0.002535
406	chr5:2491109	synonymous_variant	C	T	0.1137	4.90E-06	0.5011	0.3796	0.002469	0.04912	0.05178
407	chr11:137297658	synonymous_variant	C	T	0.7759	2.70E-06	0.03617	0.7091	0.006689	0.01816	0.02824
408	chr2:147447717	missense_variant	T	C	0.1278	1.13E-07	0.074	0.1278	0.5454	0.00633	0.1714
409	chr1:79458868	synonymous_variant	C	T	0.1078	1.04E-06	0.0835	0.457	0.3661	0.06718	0.09208

410	chr6:8927661	synonymous_variant	A	G	0.1078	1.04E-06	0.0835	0.3661	0.457	0.2064	0.646
411	chr11:126763382	intergenic_region	G	A	0.0371	2.23E-09	0.02493	0.1194	0.8518	0.03483	0.02742
412	chr11:133923392	downstream_gene_variant	G	C	0.03047	1.26E-05	0.01993	0.3227	0.3081	0.1062	0.2097
413	chr2:152760987	synonymous_variant	G	C	0.957	2.68E-06	0.007313	0.3271	0.3271	0.03483	0.02742
414	chr4:1305351	3_prime_UTR_variant	C	T	0.6433	1.21E-05	0.7085	0.05088	0.05088	0.04417	0.04252
415	unplaced-scaffold_84:1630140	synonymous_variant	C	T	0.1801	6.45E-10	0.149	0.149	0.149	0.2484	0.8615
416	chr6:8942581	missense_variant	A	T	0.09426	1.03E-06	0.0507	0.2324	0.8205	0.2217	0.4271
417	chr3:213930564	missense_variant	T	G	0.1235	2.05E-06	0.09731	0.5211	0.4247	0.2211	0.7223
418	chr10:78579973	missense_variant	T	C	0.1235	2.05E-06	0.09731	0.4247	0.5211	0.2211	0.7223
419	chr8:154938725	synonymous_variant	A	T	0.1078	1.12E-08	0.0835	0.1078	0.3661	0.07674	0.1173
420	chr7:230738161	intergenic_region	G	A	0.09078	2.64E-05	0.3165	0.2085	0.05714	0.04245	0.03941
421	chr11:126078596	missense_variant	T	C	0.1416	1.90E-08	0.2085	0.9749	0.01087	0.08872	0.1524
422	chr7:248353476	upstream_gene_variant	C	T	0.6747	1.32E-05	0.05127	0.1873	0.4915	0.07123	0.03215
423	chr2:155021668	intergenic_region	A	T	0.9168	9.28E-09	0.3959	0.002315	0.05144	0.008807	0.007901
424	chr3:221801141	synonymous_variant	A	G	0.9168	3.41E-06	0.01252	0.162	0.3959	0.02021	0.03406
425	chr3:221801144	synonymous_variant	G	A	0.9168	3.41E-06	0.01252	0.162	0.3959	0.01805	0.08188
426	chr6:13484255	5_prime_UTR_variant	C	A	0.2103	7.45E-06	0.1772	0.855	0.1772	0.1997	0.6149
427	chr1:35132593	synonymous_variant	G	T	0.1425	4.07E-06	0.08619	0.3851	0.9831	0.2176	0.7059
428	unplaced-scaffold_158:3233427	synonymous_variant	A	G	0.04534	6.05E-07	0.00466	0.4359	0.3052	0.04767	0.3437
429	chr2:70521822	synonymous_variant	C	T	0.1699	1.14E-05	0.6717	0.6717	0.02587	0.02147	0.01101
430	unplaced-scaffold_21:9224664	synonymous_variant	A	G	0.05442	4.13E-09	0.03854	0.1781	0.5326	0.1303	0.3009
431	chr6:14958019	synonymous_variant	C	T	0.05442	4.13E-09	0.03854	0.1781	0.5326	0.07904	0.3252
432	chr7:197800333	missense_variant	T	G	0.04501	3.06E-05	0.03106	0.4528	0.5125	0.1291	0.2947
433	chr8:154938032	synonymous_variant	T	C	0.3243	6.92E-07	0.05469	0.2475	0.3243	0.321	0.03906
434	unplaced-scaffold_73:177309	synonymous_variant	A	G	0.06135	3.56E-07	0.8364	0.2029	0.04407	0.01556	3.75E-15
435	chr6:9396887	missense_variant	C	T	0.05058	1.58E-06	0.03539	0.1658	0.4424	0.06936	0.09764

436	unplaced-scaffold_114:649679	synonymous_variant	C	T	0.1402	1.25E-05	0.7808	0.07223	0.2156	0.02859	0.01884
437	chr6:19124636	missense_variant	T	G	0.1402	4.43E-08	0.003543	0.03946	0.3883	8.80E-05	7.77E-07
438	chr7:248353395	upstream_gene_variant	T	A	0.1357	1.10E-08	0.1997	0.02815	0.3087	0.09564	0.1744
439	chr3:217032121	intergenic_region	G	C	0.004535	3.49E-07	0.3022	0.05916	0.1925	0.03806	0.1762
440	unplaced-scaffold_117:10542598	3_prime_UTR_variant	C	A	0.003516	7.84E-07	0.04698	0.4053	0.4829	0.04132	0.03763
441	chr2:77029693	synonymous_variant	C	T	0.3486	1.70E-06	0.3486	0.2681	0.07927	0.05262	0.05874
442	chr3:39001064	synonymous_variant	T	C	0.8195	1.45E-05	0.000703	0.4244	0.8101	0.000242	6.05E-05
443	chr7:181681603	intergenic_region	C	T	0.2228	7.50E-06	0.9596	0.621	0.007479	0.01709	0.02546
444	unplaced-scaffold_107:5730570	intergenic_region	A	G	0.04798	2.21E-05	0.7094	0.8115	0.1107	0.04245	0.9698
445	chr5:175542585	synonymous_variant	C	T	0.2822	9.48E-07	0.4959	0.2822	0.05092	0.08245	0.1335
446	unplaced-scaffold_24:5055424	downstream_gene_variant	C	G	0.2882	2.33E-06	0.6235	0.2166	0.04765	0.1567	0.4104
447	unplaced-scaffold_150:5834686	synonymous_variant	A	G	0.04501	3.06E-05	0.03106	0.1461	0.1746	1.29E-08	0.1824
448	chr3:65483811	synonymous_variant	C	T	0.06561	2.33E-06	0.04765	0.2166	0.7996	0.1537	0.3976
449	chr3:161999816	intergenic_region	T	G	0.777	2.33E-06	0.04765	0.2166	0.2166	0.1422	0.7643
450	chr5:200018848	synonymous_variant	T	C	0.06561	2.33E-06	0.2166	0.2166	0.6235	0.05283	0.05937
451	chr6:10365834	synonymous_variant	C	T	0.06561	4.57E-08	0.04765	0.04765	0.7996	0.05283	0.05937
452	chr8:42654685	missense_variant	G	A	0.8836	4.64E-07	0.05873	0.2627	0.05873	0.1983	0.4687
453	chr8:159139880	missense_variant	T	C	0.2882	2.33E-06	0.04765	0.2166	0.6235	0.1567	0.4104
454	chr9:196445109	downstream_gene_variant	T	C	0.2882	6.95E-05	0.6235	0.6235	0.04765	0.1062	0.2097
455	chr11:126763336	intergenic_region	G	T	0.06561	4.57E-08	0.04765	0.2166	0.6235	0.05283	0.05937
456	unplaced-scaffold_154:9355531	missense_variant	C	A	0.4185	1.96E-06	0.7103	0.08863	0.08863	0.1036	0.2007
457	chr5:190838282	synonymous_variant	A	T	0.02493	1.63E-06	0.6551	0.6551	0.07891	0.03483	0.08616
458	chr6:14958571	missense_variant	T	C	0.9493	4.76E-07	0.01993	0.09726	0.3227	0.1062	0.2097
459	chr8:71778758	3_prime_UTR_variant	C	T	0.1194	5.04E-08	0.07891	0.6551	0.07891	0.09631	0.1763
460	chr8:4016265	intergenic_region	T	A	0.01295	1.46E-06	0.9011	0.06682	0.4222	0.08969	0.1263
461	chr7:176017427	synonymous_variant	G	A	0.2731	0.000231	0.2024	0.822	0.2731	0.1444	0.7869

462	chr8:83604103	3_prime_UTR_variant	T	C	0.01752	1.25E-06	0.567	0.2406	0.3661	0.03968	0.03483
463	unplaced-scaffold_24:591164	synonymous_variant	A	T	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.1903	0.5658
464	unplaced-scaffold_115:3981068	synonymous_variant	G	A	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.03871	0.5226
465	unplaced-scaffold_154:8234347	synonymous_variant	T	C	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.09378	0.1682
466	unplaced-scaffold_21:8294857	synonymous_variant	G	A	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
467	unplaced-scaffold_21:8344831	synonymous_variant	T	A	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.7716	0.3094
468	unplaced-scaffold_154:8712785	synonymous_variant	G	A	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08004	0.2452
469	chr1:205262716	5_prime_UTR_variant	C	T	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.2097	0.6613
470	chr2:29517961	synonymous_variant	C	T	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.2097	0.6613
471	chr2:40026160	synonymous_variant	A	G	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
472	chr2:201700027	synonymous_variant	G	A	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.08727	0.1479
473	chr3:28960714	synonymous_variant	T	C	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.1816	0.3976
474	chr3:128441338	synonymous_variant	C	T	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.05652	0.2421
475	chr3:128441389	synonymous_variant	C	G	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.05097	0.8369
476	chr3:129015282	synonymous_variant	T	C	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
477	chr3:131804298	synonymous_variant	T	C	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
478	chr3:140893090	synonymous_variant	T	C	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.1567	0.4104
479	chr3:157824759	synonymous_variant	C	A	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.09631	0.1763
480	chr4:2517616	intergenic_region	G	A	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.1144	0.2859
481	chr5:144835001	synonymous_variant	G	T	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.07155	0.1033
482	chr5:146194292	3_prime_UTR_variant	A	T	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.09631	0.1763
483	chr5:160396853	intergenic_region	T	G	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
484	chr6:102199885	3_prime_UTR_variant	A	T	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.1062	0.2097
485	chr7:54788157	synonymous_variant	G	A	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
486	chr8:2326575	synonymous_variant	G	A	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.08727	0.1479
487	chr8:2348652	downstream_gene_variant	C	T	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.1291	0.2947

488	chr8:66844974	intergenic_region	A	G	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
489	chr8:93244557	synonymous_variant	C	T	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
490	chr8:94036923	synonymous_variant	C	T	0.1936	8.14E-06	0.162	0.6732	0.162	0.08727	0.1479
491	chr9:16501942	synonymous_variant	A	G	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.08727	0.1479
492	chr10:138882200	synonymous_variant	C	A	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.08716	0.000624
493	chr10:138882233	synonymous_variant	C	T	0.1936	5.38E-08	0.162	0.162	0.162	0.2804	4.82E-08
494	unplaced-scaffold_21:6785082	synonymous_variant	C	T	0.01912	8.25E-06	0.6388	0.02707	0.000174	0.00633	0.001861
495	chr2:155021617	intergenic_region	A	C	0.4294	5.53E-07	0.08522	0.004475	0.2458	3.70E-05	1.21E-06
496	unplaced-scaffold_79:1475181	missense_variant	A	G	0.2971	6.06E-07	0.01131	0.04596	0.5541	0.008807	0.007901
497	unplaced-scaffold_115:3980955	synonymous_variant	C	T	0.5541	6.06E-07	0.002137	0.5211	0.04596	0.01196	0.0058
498	chr7:230744914	intergenic_region	T	C	0.03819	2.46E-06	0.5854	0.1779	0.03819	0.05646	0.08785
499	chr3:220730405	synonymous_variant	A	T	0.2384	1.78E-06	0.04103	0.2906	0.007741	0.07155	0.1033
500	unplaced-scaffold_117:414312	synonymous_variant	A	G	0.006769	6.87E-08	0.003579	0.02036	0.0152	0.04912	0.09183
501	unplaced-scaffold_6:1747865	synonymous_variant	T	C	0.008198	8.94E-07	0.1402	0.4971	0.7595	0.02727	0.01717
502	unplaced-scaffold_46:454539	missense_variant	A	C	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.8417	0.3179	0.1903	0.5658
503	unplaced-scaffold_0:1928747	synonymous_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.05849	0.07158
504	unplaced-scaffold_24:2704487	downstream_gene_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
505	unplaced-scaffold_139:3075074	synonymous_variant	T	G	0.2882	6.95E-05	0.2166	0.2166	0.6235	1.05E-09	0.000542
506	unplaced-scaffold_107:4525861	synonymous_variant	A	G	0.09464	6.90E-08	0.07218	0.3179	0.3179	0.1422	0.3288
507	unplaced-scaffold_154:9278774	synonymous_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.05849	0.07158
508	unplaced-scaffold_19:13530845	synonymous_variant	A	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
509	unplaced-scaffold_132:23003165	synonymous_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
510	chr1:28152355	missense_variant	T	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.8417	0.3179	0.187	0.6202
511	chr1:31061202	missense_variant	A	C	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
512	chr1:32561365	synonymous_variant	T	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.05849	0.07158
513	chr1:33508297	upstream_gene_variant	A	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.08716	0.1154

514	chr1:33508945	upstream_gene_variant	A	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
515	chr1:37204626	synonymous_variant	A	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.549	0.07218	0.1567	0.4104
516	chr1:37204746	synonymous_variant	G	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
517	chr1:65350415	synonymous_variant	A	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.8417	0.3179	0.1903	0.5658
518	chr1:79198521	synonymous_variant	T	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.02021	0.009848
519	chr1:80909824	intergenic_region	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.187	0.6202
520	chr1:81142815	synonymous_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.05849	0.07158
521	chr1:200987894	synonymous_variant	A	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
522	chr4:44906031	synonymous_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.2554	0.000274
523	chr5:57940050	upstream_gene_variant	A	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.06471	0.08611
524	chr5:192467210	3_prime_UTR_variant	A	C	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.549	0.07218	0.1772	0.8178
525	chr6:15887311	missense_variant	T	C	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
526	chr6:15888776	missense_variant	A	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
527	chr6:18378340	synonymous_variant	G	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
528	chr6:18378574	synonymous_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.01103	0.000123
529	chr6:18378577	synonymous_variant	G	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.02521	0.01496
530	chr6:34887572	synonymous_variant	T	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.549	0.07218	0.1903	0.5658
531	chr6:108215714	synonymous_variant	A	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1727	0.9805
532	chr6:117134507	synonymous_variant	A	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.187	0.6202
533	chr6:117134546	synonymous_variant	G	C	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.05097	0.07378
534	chr6:117134829	synonymous_variant	T	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.187	0.6202
535	chr6:168040581	synonymous_variant	A	C	0.4033	4.33E-06	0.07218	0.8417	0.07218	0.187	0.6202
536	chr7:227504519	missense_variant	C	T	0.4033	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.3179	0.1567	0.6236
537	chr7:231114352	synonymous_variant	A	C	0.4033	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.3179	0.1903	0.5658
538	chr7:231856412	stop_gained	T	A	0.4033	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.3179	0.06471	0.08611
539	chr8:154314981	synonymous_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.3179	0.3179	0.3179	0.1903	0.5658

540	chr9:131779755	synonymous_variant	T	A	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
541	chr9:168405177	missense_variant	C	T	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
542	chr9:190768511	upstream_gene_variant	G	T	0.4033	4.33E-06	0.07218	0.8417	0.07218	0.1903	0.5658
543	chr10:78184331	intron_variant	A	G	0.09464	4.33E-06	0.07218	0.3179	0.8417	0.1903	0.5658
544	chr2:74778765	synonymous_variant	C	A	0.06135	3.38E-06	0.04407	0.5937	0.7461	0.06264	0.08108
545	chr8:154315128	missense_variant	A	T	0.06135	8.99E-10	0.04407	0.04407	0.7461	0.1537	0.3976
546	chr2:70075972	downstream_gene_variant	G	A	0.07578	2.59E-08	0.02468	0.2998	0.6657	0.05457	0.1813
547	chr2:121820815	synonymous_variant	A	C	0.05586	4.54E-06	0.02015	0.002501	0.01392	5.70E-05	8.64E-05
548	chr5:92610030	synonymous_variant	T	C	0.1299	1.46E-06	0.02564	0.118	0.005541	0.01522	0.02079
549	chr11:125898829	synonymous_variant	G	A	0.05946	1.46E-06	0.002542	0.3071	0.2512	0.001777	0.8227
550	chr2:155019617	intergenic_region	A	G	0.1015	7.30E-07	0.01787	0.08863	0.01787	0.1036	0.2007
551	chr11:126147908	synonymous_variant	C	T	0.9042	2.47E-05	0.1007	0.4368	0.004356	0.07998	0.5352
552	unplaced-scaffold_0:749627	missense_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.4633	0.2313	0.7704
553	unplaced-scaffold_158:3625880	synonymous_variant	G	A	0.5616	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.1084	0.1303	0.564
554	unplaced-scaffold_115:3981074	synonymous_variant	A	G	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.04127	0.002831
555	chr1:35361217	synonymous_variant	C	T	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.4633	0.2097	0.7725
556	chr1:35432578	synonymous_variant	C	T	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.4633	0.2313	0.7704
557	chr1:65352501	synonymous_variant	C	A	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.4633	0.2313	0.7704
558	chr1:73848917	intergenic_region	C	T	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.4633	0.07155	0.1033
559	chr1:87075185	synonymous_variant	A	G	0.1355	6.81E-06	0.4633	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
560	chr1:97536072	downstream_gene_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.4633	0.1084	0.1084	0.1567	0.4104
561	chr1:97536084	downstream_gene_variant	T	A	0.1355	7.80E-08	0.4633	0.1084	0.1084	0.1727	0.4825
562	chr1:97536087	downstream_gene_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.4633	0.1084	0.1084	0.1727	0.4825
563	chr1:133741940	missense_variant	A	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.4633	0.2313	0.7704
564	chr1:133741990	synonymous_variant	G	A	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.4633	0.2097	0.7725
565	chr1:133742014	synonymous_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.4633	0.2313	0.7704

566	chr1:133742515	missense_variant	A	G	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.4633	0.2313	0.7704
567	chr1:133742552	missense_variant	T	C	0.1355	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.4633	0.2313	0.7704
568	chr2:7739799	missense_variant	G	A	0.1355	6.81E-06	0.4633	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
569	chr2:95878119	downstream_gene_variant	G	A	0.5616	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
570	chr2:165183213	missense_variant	A	G	0.1355	6.81E-06	0.4633	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
571	chr3:27196351	synonymous_variant	C	T	0.5616	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
572	chr3:31591652	synonymous_variant	A	G	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.4633	0.07155	0.1033
573	chr4:10313658	missense_variant	A	C	0.1355	6.81E-06	0.4633	0.4633	0.1084	0.1422	0.3482
574	chr4:45830813	upstream_gene_variant	A	T	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.1181	0.0157
575	chr5:93382307	synonymous_variant	C	G	0.5616	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
576	chr5:132199021	synonymous_variant	T	C	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.1567	0.01384
577	chr6:15890931	missense_variant	C	G	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.4633	0.2313	0.7704
578	chr6:118593382	synonymous_variant	G	A	0.162	8.19E-07	0.1325	0.5585	0.1325	0.1439	1.30E-12
579	chr7:232873133	missense_variant	A	C	0.5616	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.1084	0.07904	0.1238
580	chr8:66845034	intergenic_region	T	C	0.5616	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.1084	0.2313	0.7704
581	chr8:161797024	3_prime_UTR_variant	G	A	0.5616	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.1084	0.1963	0.8491
582	chr8:161965785	missense_variant	A	C	0.5616	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.1084	0.07155	0.1033
583	chr9:196445040	downstream_gene_variant	T	C	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.4633	0.4633	0.2313	0.7704
584	chr10:40623579	3_prime_UTR_variant	A	C	0.1355	6.81E-06	0.1084	0.8896	0.1084	0.2313	0.7704
585	chr11:1431838	synonymous_variant	T	C	0.1133	7.11E-07	0.08852	0.08852	0.9698	2.05E-08	0.01119
586	chr11:1875092	synonymous_variant	A	G	0.5616	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.1084	0.06471	0.2377
587	chr11:128683131	synonymous_variant	T	A	0.1133	3.70E-05	0.08852	0.384	0.9698	2.02E-07	2.86E-09
588	unplaced-scaffold_132:8144658	downstream_gene_variant	T	C	0.2235	1.10E-05	0.1555	0.6521	0.1555	0.1695	0.4687
589	chr3:129833209	synonymous_variant	T	C	0.1869	1.10E-05	0.1555	0.7593	0.1555	0.05652	0.06717
590	chr4:4661993	synonymous_variant	C	T	0.1869	8.08E-08	0.1555	0.1555	0.1869	0.08486	0.1406
591	chr6:125799392	intergenic_region	T	G	0.1869	8.08E-08	0.1869	0.1555	0.1555	0.07674	0.1173

592	chr6:171612306	synonymous_variant	C	T	0.1869	1.10E-05	0.1555	0.6521	0.1869	0.1116	0.2291
593	chr11:123940186	synonymous_variant	A	G	0.1869	1.10E-05	0.1869	0.6521	0.1555	0.1393	0.3363
594	chr10:21458205	3_prime_UTR_variant	G	T	0.03538	1.66E-06	0.003128	0.8504	0.7154	0.01435	0.01258
595	chr1:30178129	synonymous_variant	C	T	0.08439	7.33E-06	0.06317	0.2847	0.6124	0.1838	0.5364
596	chr1:38299763	missense_variant	G	A	0.612	8.52E-07	3.37E-05	0.6801	0.9035	0.006141	0.2424
597	chr1:222790143	synonymous_variant	T	G	0.9595	1.14E-05	0.9035	0.00207	0.139	0.000313	1.86E-05
598	unplaced-scaffold_84:1882064	synonymous_variant	G	T	0.01472	1.99E-06	0.2144	0.124	0.8667	0.03806	0.03215
599	chr3:228696523	5_prime_UTR_premature_start_codon_gain_variant	T	G	0.8077	1.61E-05	0.0682	0.4769	0.0682	0.009429	0.3836
600	chr8:19193846	synonymous_variant	A	G	0.5023	1.26E-05	0.007165	0.09835	0.007165	0.01709	0.01101
601	chr2:70075948	downstream_gene_variant	A	G	0.1298	3.18E-08	0.0818	0.5008	0.1887	0.04547	0.6364
602	chr11:137297640	synonymous_variant	A	G	0.6234	1.68E-05	0.09196	0.4775	0.003941	0.00437	0.4431
603	unplaced-scaffold_117:5480863	upstream_gene_variant	T	C	0.08952	6.13E-06	0.3013	0.8104	0.08952	0.06264	0.08108
604	chr1:58579152	synonymous_variant	G	A	0.08952	1.06E-07	0.06766	0.8104	0.08952	0.08486	0.1406
605	chr1:58579155	synonymous_variant	T	C	0.08952	1.06E-07	0.06766	0.8104	0.08952	0.08486	0.1406
606	chr7:241408169	synonymous_variant	C	T	0.08952	1.06E-07	0.08952	0.3013	0.3013	0.06936	0.09764
607	chr7:2694228	synonymous_variant	G	A	0.05068	1.15E-06	0.02095	0.8267	0.4986	0.004845	0.002698
608	chr8:155496259	synonymous_variant	T	C	0.05713	4.91E-06	0.2568	0.1892	0.7145	0.1506	0.3847
609	unplaced-scaffold_21:10174600	synonymous_variant	T	C	0.1078	1.11E-07	0.0835	0.0835	0.9387	0.2031	0.6305
610	unplaced-scaffold_21:10174608	synonymous_variant	C	T	0.1078	1.11E-07	0.0835	0.0835	0.9387	0.2031	0.6305
611	chr1:35432474	missense_variant	G	A	0.1296	1.03E-08	0.1028	0.1028	0.4441	0.02378	7.55E-10
612	chr2:136579560	synonymous_variant	T	C	0.1078	1.11E-07	0.0835	0.3661	0.3661	0.06264	0.08108
613	chr2:216189084	synonymous_variant	G	A	0.457	1.04E-06	0.3661	0.1078	0.0835	0.2334	0.6305
614	chr6:6850497	splice_region_variant&stop_retained_variant	A	G	0.1078	8.88E-06	0.0835	0.4533	0.0835	0.04728	0.0648
615	chr6:174742160	upstream_gene_variant	C	T	0.457	8.88E-06	0.3661	0.3661	0.0835	0.2299	0.6865
616	chr7:227515461	synonymous_variant	T	G	0.457	8.88E-06	0.0835	0.3661	0.3661	0.06936	0.09764

617	chr6:13484273	5_prime_UTR_variant	G	A	0.2247	2.40E-05	0.1913	0.7901	0.1913	0.2031	0.6305
618	chr2:119443703	missense_variant	G	A	0.5148	4.04E-06	0.3832	0.1194	0.1194	0.1171	0.2489
619	chr6:11042119	missense_variant	A	C	0.0371	4.04E-06	0.02493	0.1194	0.2366	0.03483	0.02742
620	chr6:17440546	synonymous_variant	G	A	0.03047	4.76E-07	0.01993	0.09726	0.3081	1.53E-09	0.000615
621	unplaced-scaffold_139:3075107	synonymous_variant	T	C	0.5415	9.41E-06	0.1296	0.4441	0.1028	0.2299	0.7413
622	chr1:33509184	upstream_gene_variant	A	G	0.1296	9.41E-06	0.1028	0.4441	0.5415	0.2279	0.7545
623	chr1:55348355	missense_variant	G	T	0.1296	1.18E-07	0.4441	0.1028	0.1296	0.2279	0.7545
624	chr6:32143949	synonymous_variant	T	C	0.1296	9.41E-06	0.1028	0.9198	0.1296	0.2245	0.8129
625	chr8:161128474	missense_variant	T	C	0.5616	7.80E-08	0.1084	0.1084	0.1084	0.06264	0.2816
626	chr10:164787149	missense_variant	T	C	0.1296	9.41E-06	0.1296	0.4441	0.4441	0.2279	0.7545
627	chr7:30580763	synonymous_variant	T	A	0.06664	2.68E-06	0.1218	0.4702	0.03444	0.02521	0.01496
628	chr9:194711864	synonymous_variant	T	A	0.2147	1.43E-07	0.3271	0.007313	0.6799	0.007762	0.004579
629	chr10:37187720	synonymous_variant	G	A	0.04156	5.78E-06	0.426	0.426	0.426	0.1262	0.2838
630	unplaced-scaffold_24:1483820	synonymous_variant	C	A	0.05965	4.11E-06	0.8084	0.5581	0.05965	0.01717	0.007134
631	chr7:230746691	intergenic_region	G	T	0.01371	4.00E-05	0.2692	0.0615	0.3093	0.008807	0.001995
632	chr10:161665193	synonymous_variant	T	C	0.4518	4.99E-07	0.001835	0.09325	0.2843	0.03968	0.1073
633	chr1:76899371	5_prime_UTR_variant	G	A	0.1492	8.78E-10	0.1204	0.1204	0.1492	0.2727	0.8283
634	chr5:207494508	synonymous_variant	C	T	0.1556	1.46E-07	0.1265	0.5383	0.1265	0.187	0.1339
635	chr6:116295604	intergenic_region	C	T	0.1492	2.18E-07	0.1204	0.1204	0.62	0.2727	0.9039
