

Tesis Doctoral

**Caracterización de las bases moleculares de la
arteritis de células gigantes y otras vasculitis
sistémicas mediante una aproximación
genómica y transcriptómica**

Memoria presentada por el licenciado en Biología Elio Gabriel
Carmona Rubio para optar al grado de Doctor por la
Universidad de Granada.

Programa de Doctorado en Biomedicina.

Directores:

Ana María Márquez Ortiz, Científica Titular del CSIC.

Javier Martín Ibáñez, Profesor de Investigación del CSIC.



**UNIVERSIDAD
DE GRANADA**

Instituto de Parasitología y Biomedicina López-Neyra, CSIC.

Granada, noviembre de 2023

Editor: Universidad de Granada. Tesis Doctorales
Autor: Elio Gabriel Carmona Rubio
ISBN: 978-84-1195-135-7
URI: <https://hdl.handle.net/10481/89163>

CONTENIDO

CONTENIDO	10
ÍNDICE DE FIGURAS	12
ÍNDICE DE TABLAS	14
ABREVIATURAS	15
RESUMEN	18
INTRODUCCIÓN	21
I.I. Vasculitis Sistémicas	21
I.II Arteritis de células gigantes	23
I.II.I Epidemiología	24
I.II.II Manifestaciones clínicas	26
I.II.III Diagnóstico y tratamiento	28
I.II.IV Inmunopatogénesis de la arteritis de células gigantes	32
I.II.V Etiología	40
I.III. Aproximaciones -ómicas en la arteritis de células gigantes	45
I. III.I Estudios genómicos	45
I.III.II Estudios transcriptómicos	51
JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS	56
MATERIALES Y MÉTODOS, RESULTADOS Y DISCUSIÓN	58
Capítulo 1: Identificación de variantes de riesgo compartidas entre vasculitis sistémicas.	60
Material y métodos	62
Resultados	69
Discusión	83
Capítulo 2: Estudio del transcriptoma a nivel de célula única de linfocitos T CD4+ en pacientes con GCA	91
Introducción	91
Material y métodos	92
Resultados	102
Discusión	121
DISCUSIÓN GENERAL	127
PERSPECTIVAS FUTURAS	136
CONCLUSIONES	141
MATERIAL SUPLEMENTARIO 1 - (ANEXOS)	143
REFERENCIAS	184

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Clasificación de las vasculitis sistémicas según los vasos sanguíneos principalmente afectados.	22
Figura 2. Distribución geográfica de la arteritis de células gigantes	25
Figura 3. Esquema del proceso patogénico en la arteritis de células gigantes.	39
Figura 4. Tabla resumen de los cambios asociados a la edad en distintos tipos de células inmunológicas.	43
Figura 5. Número de variantes genéticas de riesgo asociadas a las vasculitis y a otras enfermedades inmunomediadas.	48
Figura 6. Flujo de trabajo aplicado a los distintos conjuntos de datos incluidos en el “cross-disease” meta-análisis.	65
Figura 7. “Manhattan plot” que muestra los resultados del “cross-phenotype” meta-análisis.	70
Figura 8. Nuevos loci de riesgo compartidos entre las vasculitis analizadas.	73
Figura 9. Anotación funcional de las variantes pleiotrópicas identificadas.	78
Figura 10. Resultados del análisis de enriquecimiento de marcas de histonas del conjunto de variantes pleiotrópicas.	80
Figura 11. Anotación funcional de los clusters celulares identificados	103
Figura 12. Porcentaje relativo de cada subtipo celular en pacientes con GCA activa, pacientes en remisión y controles sanos (HC).	104
Figura 13. Análisis del porcentaje de células T CD4+ citotóxicas mediante citometría de flujo.	106
Figura 14. Subclustering de células Tregs.	108
Figura 15. Diferencias de proporción de los subclusters naïve y efectoras entre pacientes de arteritis de células gigantes y controles (HC).	109
Figura 16. Genes desregulados en los clusters de células T CD4+ citotóxicas y T reguladoras de pacientes con arteritis de células gigantes.	111
Figura 17. Análisis del repertorio del receptor de células T (TCR)	115
Figura 18. Mapas de difusión que muestran la trayectoria pseudotemporal de las células T CD4+.	117
Figura 19. Análisis de pseudotiempo	118

Figura 20. Número de variantes genéticas de riesgo asociadas a vasculitis sistémicas. _____ **129**

Figura 21. Esquema representado el mecanismo funcional de CTLA4 en la regulación de las células T _____ **131**

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Síntomas y manifestaciones de los subtipos de la arteritis de células gigantes.	31
Tabla 2. Criterios de clasificación ACR 1990 para la arteritis de células gigantes.	34
Tabla 3. Desglose de las cohortes incluidas en el meta-análisis de de las principales vasculitis sistémicas.	67
Tabla 4. Variantes genéticas independientes que alcanzaron el nivel de significación genómico en el “cross-phenotype” meta-análisis y que representan nuevos loci de riesgo compartidos entre las vasculitis.	76
Tabla 5. Asociaciones compartidas entre vasculitis considerando la presencia de autoanticuerpos específicos MPO y PR3 en pacientes con vasculitis asociada a ANCA.	80
Tabla 6. Fármacos frente a trastornos mediados por el sistema inmunológico repositonables para vasculitis sistémicas.	86

ABREVIATURAS

- AAV:** Vasculitis asociada a anticuerpos anticitoplasma de neutrófilos (ANCA) (*Anti-Neutrophil Cytoplasmic Autoantibodies (ANCA) Associated Vasculitis*)
- ACR:** Colegio americano de reumatología (*American College of Rheumatology*)
- ARN:** Ácido ribonucleico
- BD:** Enfermedad de Behçet (*Behçet Disease*)
- CHCC:** Conferencia de consenso de Chapel Hill (*Chapel Hill Consensus Conference*)
- CTL:** Linfocitos T citotóxicos (*Cytotoxic T Lymphocytes*)
- DEG:** Genes diferencialmente expresados (*Differentially Expressed Genes*)
- EGF:** Factor de crecimiento epidérmico (*Epidermal Growth Factor*)
- EGPA:** Granulomatosis eosinofílica con poliangeítis (*Eosinophilic Granulomatosis with Polyangiitis*)
- eQTL:** Locus cuantitativo de expresión (*expression Quantitative Trait Loci*)
- EULAR:** Alianza europea de asociaciones de reumatología (*European Alliance of Associations for Rheumatology*)
- FDR:** Tasa de descubrimiento falso (*False Discovery Rate*)
- FGF:** Factor de crecimiento de fibroblastos (*Fibroblast Growth Factor*)
- FUMA:** *Functional Mapping and Annotation*
- GCA:** Arteritis de células gigantes (*Giant Cell Arteritis*)
- GCs:** Glucocorticoides
- GPA:** Granulomatosis con poliangeítis (*Granulomatosis with Polyangiitis*)
- GWAS:** Estudio de asociación del genoma completo (*Genome-Wide Association Study*)
- HLA:** Antígeno leucocitario humano (*Human Leukocyte Antigen*)
- IC:** Intervalo de confianza
- ICAM:** Molécula de adhesión intercelular (*Intercellular Adhesion Molecule*)
- IFN:** Interferón
- IgAV:** Vasculitis asociada a IgA (*IgA Vasculitis*)
- IL:** Interleuquina

IMC: Índice de Masa Corporal

JAK: Quinasa Janus (*Janus Kinase*)

KD: Enfermedad de Kawasaki (*Kawasaki disease*)

MMP: Metaloproteinasas de matriz

MPA: Poliangeítis microscópica (*Microscopic Polyangiitis*)

MPO: Mieloperoxidasa

NETs: Trampas extracelulares de neutrófilos (*Neutrophil Extracellular Traps*)

NK: Células *natural killer*

OR: Razón de probabilidades (*Odds Ratio*)

PCR: Proteína C Reactiva

PCs: Componentes principales (*Principal Components*)

PMR: Polimialgia Reumática

PRRs: Receptores de reconocimiento de patrones (*Pattern Recognition Receptors*)

PRS: Puntuación de riesgo poligénico (*Polygenic Risk Score*)

RA: Artritis reumatoide (*Rheumatoid Arthritis*)

SLE: Lupus eritematoso sistémico (*Systemic Lupus Erythematosus*)

SNP: Polimorfismo de un único nucleótido (*Single Nucleotide Polymorphism*)

STAT: Transductores y Activadores de la Transcripción (*Signal Transducer and Activator of Transcription*)

TAK: Arteritis de Takayasu (*Takayasu Arteritis*)

T_{CM}: Células T de memoria central (*Central Memory T cells*)

TCR: Receptor de células T (*T Cell Receptor*)

T_{EM}: Células T efectoras de memoria (*Effector Memory T cells*)

TF: Factor de transcripción (*Transcription Factor*)

TGF-β: Factor de crecimiento transformante beta (*Transforming Growth Factor-beta*)

TLR: Receptor tipo Toll (*Toll-Like Receptor*)

Treg: Células T Reguladoras (*Regulatory T cells*)

UMAP: *Uniform Manifold Approximation and Projection*

VCAM-1: Molécula 1 de Adhesión de Células Vasculares (*Vascular Cell Adhesion Molecule 1*)

VEGF: Factor de Crecimiento Endotelial Vascular (*Vascular Endothelial Growth Factor*)

VSG: Velocidad de Sedimentación Globular

VSMC: Células del Músculo Liso Vascular (*Vascular Smooth Muscle Cells*)

RESUMEN

Las vasculitis constituyen un grupo heterogéneo de enfermedades inflamatorias que comprometen los vasos sanguíneos, manifestándose a través de una amplia gama de síntomas y signos clínicos. En estas afecciones el sistema inmunológico ataca al tejido vascular, produciendo daño y la oclusión del mismo. La arteritis de células gigantes (GCA), en particular, se manifiesta como una vasculitis granulomatosa que afecta principalmente a las arterias de gran calibre, siendo la más común entre los individuos de más de 50 años, y presentando riesgo de complicaciones graves, como ceguera permanente o ictus. Aunque aún no se conocen completamente los mecanismos patogénicos implicados en la GCA, se ha demostrado que tanto los monocitos como las células T CD4+ representan piezas clave en el proceso inflamatorio que caracteriza a esta enfermedad.

La GCA presenta una etiología compleja en la que los factores genéticos desempeñan un papel fundamental en su desarrollo. En los últimos años, se han llevado a cabo varios estudios de asociación del genoma completo (GWAS) que han arrojado luz acerca de la arquitectura genética de la GCA y otras vasculitis sistémicas. Sin embargo, la baja prevalencia de estas enfermedades en combinación con los efectos moderados de las variantes genéticas asociadas han supuesto un obstáculo para la identificación del componente genético de las vasculitis, gran parte del cual está aún por descubrir.

Con el objetivo de mejorar la comprensión de las bases genéticas de las vasculitis y, específicamente, de la GCA, en esta tesis se exploró el solapamiento genético entre diferentes vasculitis sistémicas. Mediante el análisis conjunto de datos genómicos de las principales formas de vasculitis se identificaron 15 nuevos *loci* de

susceptibilidad compartidos entre estas patologías, incluyendo un nuevo *locus* de riesgo para la GCA. El análisis funcional de las variantes pleiotrópicas reveló que la mayoría de ellas influyen en las vasculitis a través de la regulación de la expresión génica en células inmunológicas como monocitos y células NK, B y T CD4+.

Por otra parte, recientemente, la tecnología de secuenciación del transcriptoma a nivel de célula única ha permitido una comprensión más profunda de los procesos moleculares que subyacen a las enfermedades complejas, como la GCA, y han permitido identificar subtipos celulares con un papel patogénico. En esta tesis doctoral se utilizó la tecnología de secuenciación del transcriptoma a nivel de célula única para caracterizar el perfil de expresión de las células T CD4+ en la GCA. Los resultados de este estudio revelaron una composición alterada en distintas subpoblaciones de linfocitos T CD4+ en pacientes con GCA, incluyendo una expansión de linfocitos con capacidad citotóxica que podrían estar influyendo en el proceso de inflamación y remodelación vascular que ocurre en esta vasculitis. Encontramos también una menor proporción de células T reguladoras con fenotipo efector en pacientes de GCA, las cuales, además, presentaban una menor expresión de moléculas cruciales para su función supresora.

A partir de los resultados de ambos estudios llevamos a cabo un análisis de reposicionamiento de fármacos que permitió identificar medicamentos actualmente indicados para otras enfermedades que podrían ser potencialmente reutilizables para tratar las vasculitis.

Los resultados incluidos en esta tesis amplían nuestra comprensión sobre la base genética y molecular de las vasculitis, en especial de la GCA, proponiendo nuevos mecanismos que pueden estar contribuyendo a la patogénesis de estas enfermedades. Estos

hallazgos, además, ponen de manifiesto nuevas vías moleculares implicadas así como posibles dianas terapéuticas para establecer terapias más específicas y efectivas.

INTRODUCCIÓN

I.I. Vasculitis Sistémicas

Las vasculitis se refieren a un grupo heterogéneo de enfermedades inflamatorias caracterizadas por la inflamación de los vasos sanguíneos, originada por una reacción anormal del sistema inmunitario. En estas afecciones, el sistema inmunitario, cuya función normal es proteger al cuerpo contra infecciones y otras patologías, desencadena una respuesta inmunológica excesiva que ataca directamente al tejido vascular. Esto conduce a una inflamación prolongada de los vasos, ocasionando diversas complicaciones. Una de las más notables es la disminución del flujo sanguíneo hacia órganos y tejidos, lo que puede resultar en daño tisular y, en casos graves, disfunción de órganos vitales.

La complejidad de las vasculitis se encuentra en la diversidad de los vasos sanguíneos principalmente afectados, tanto en términos de tamaño como de ubicación, resultando en una amplia variedad de síntomas y características clínicas. En muchos casos, los síntomas son inespecíficos, lo que dificulta considerablemente el diagnóstico. Dada esta heterogeneidad, la clasificación de las vasculitis ha sido históricamente un reto. En este contexto, las vasculitis sistémicas se clasifican según los criterios establecidos en 1990 por el *American College of Rheumatology (ACR)*¹. Además, la *Chapel Hill Consensus Conference (CHCC)* en 1994² y más tarde en 2012³, definió un sistema internacional de nomenclatura para identificar este grupo de enfermedades vasculares. Las categorías propuestas por la CHCC se fundamentan principalmente en el calibre de los vasos sanguíneos que

están predominantemente afectados y también toman en cuenta diversas características clínicas e histopatológicas. Así, actualmente se distingue entre vasculitis de vasos grandes, vasculitis de vasos medianos y vasculitis de vasos pequeños (Figura 1).

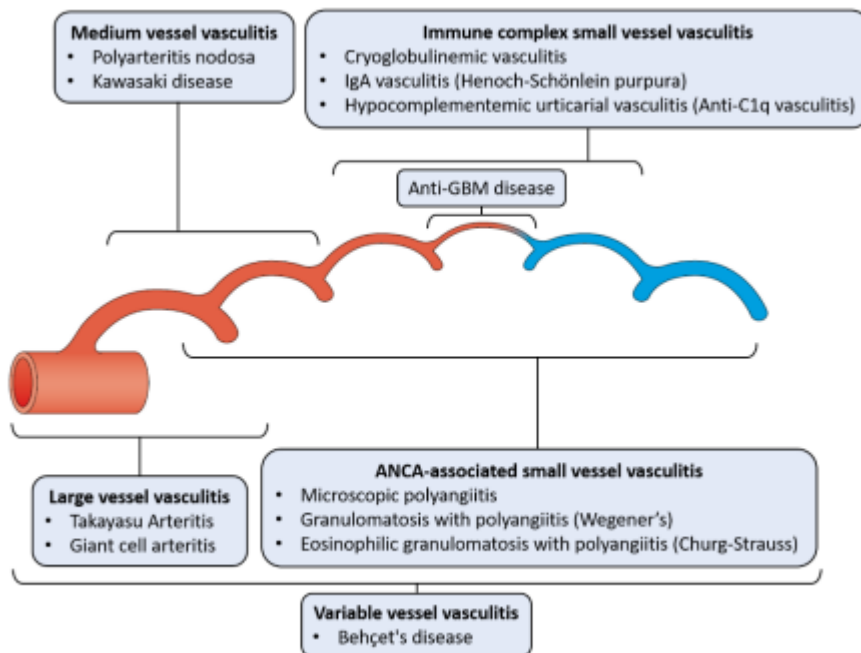


Figura 1. Clasificación de las vasculitis sistémicas según los vasos sanguíneos principalmente afectados. Adaptado de Jenette J, et al.³

Dado que esta tesis se centra principalmente en el estudio de las bases moleculares de la arteritis de células gigantes, a continuación se detallan las particularidades de esta vasculitis concreta.

I.II Arteritis de células gigantes

La arteritis de células gigantes (GCA, *giant cell arteritis*) es una vasculitis granulomatosa de grandes vasos en la que se produce inflamación y engrosamiento principalmente en las paredes vasculares de la aorta y sus ramas superiores como la carótida y las arterias vertebrales⁴.

Los primeros registros documentados de la GCA se remontan al siglo XIX. Fué en 1890 cuando el médico británico Sir Jonathan Hutchinson describió un caso de inflamación de la arteria temporal, que más tarde sería reconocido como uno de los primeros reportes de GCA. Con el paso de los años, las observaciones clínicas acumuladas permitieron una mejor caracterización de la enfermedad, y es en 1932, tras la publicación de Horton, cuando la GCA comienza a reconocerse como una entidad específica, haciendo referencia a una inflamación granulomatosa⁵. Durante ese tiempo fué denominada como “Enfermedad de Horton” y posteriormente arteritis de la temporal. En la CHCC de 2012 se decidió cambiar esta terminología, ya que no todos los pacientes presentaban engrosamiento de la arteria temporal³, adoptando finalmente el término de arteritis de células gigantes en referencia a las células multinucleadas o “células gigantes” que se observan frecuentemente en los infiltrados celulares.

I.II.I Epidemiología

La GCA es la forma más común de vasculitis primaria en personas de avanzada edad. Generalmente se manifiesta en individuos mayores de 50 años, aunque la edad promedio de diagnóstico se sitúa alrededor de los 79 años⁶.

Al igual que muchas otras patologías con un componente autoinmune, la GCA presenta una prevalencia desigual entre géneros, afectando aproximadamente a tres mujeres por cada hombre⁷. La incidencia global media es de 10 casos por cada 100.000 personas mayores de 50 años⁸. Sin embargo, la GCA muestra una marcada variabilidad en su distribución geográfica, afectando principalmente a individuos de ascendencia caucásica en regiones europeas y norteamericanas. Los estudios epidemiológicos iniciales en GCA mostraron un aumento en la incidencia de esta enfermedad hacia el norte y oeste de Europa, con los países escandinavos reportando el mayor número de casos. Sin embargo, un reciente meta-análisis sugiere que esta elevada incidencia podría ser resultado de sesgos en la recolección de datos⁹. Este meta-análisis confirma que el gradiente de incidencia sería más moderado de lo que se creía anteriormente, y no se asociaría con una mayor prevalencia o mortalidad.

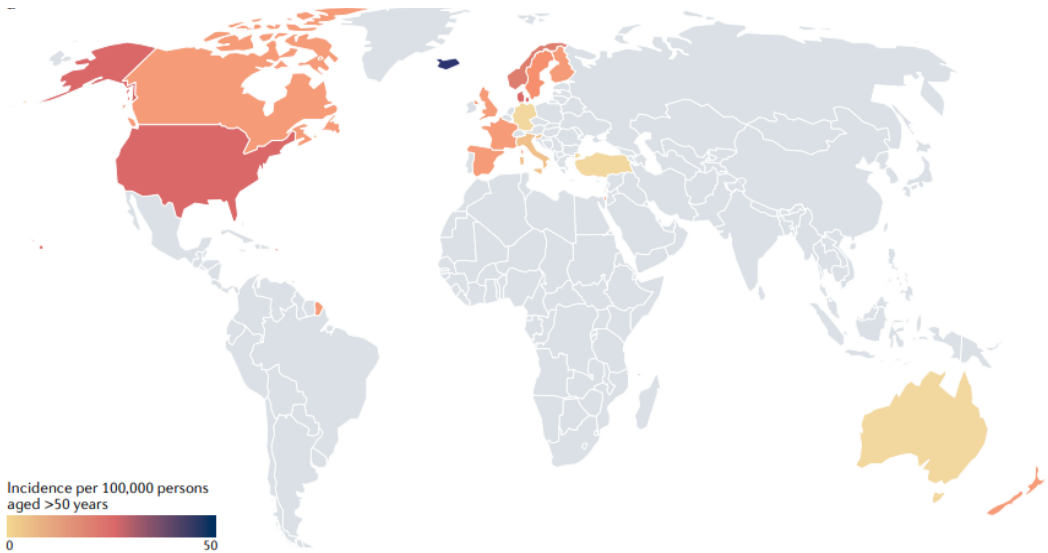


Figura 2. Distribución geográfica de la arteritis de células gigantes.

Extraída de Watts RA, et al.⁸

Por otro lado, en regiones como África, Asia y Oriente Medio, la incidencia media es considerablemente menor, registrando cifras de 5,73, 4,62, y 0,34, respectivamente¹⁰. Las bajas cifras de incidencia en estas zonas podrían atribuirse a una mezcla de factores, incluyendo características genéticas, diferencias en la susceptibilidad a la enfermedad, condiciones ambientales y desigualdades en el acceso a servicios médicos y diagnóstico.

Dada la tendencia al envejecimiento de la población mundial, el incremento de factores de riesgo vascular (tales como obesidad, sedentarismo y estrés crónico) y la mejora continua de los métodos de diagnóstico, sería esperable un aumento en la incidencia de la GCA en las próximas décadas^{8,10}.

I.II.II Manifestaciones clínicas

En cuanto a los síntomas, la GCA se caracteriza por dolor de cabeza en la región occipital (70-85%), claudicación mandibular (30-40%), sensibilidad del cuero cabelludo (20-40%), sensibilidad de la arteria temporal (30-60%) así como alteraciones visuales que pueden provocar ceguera (15-45%) temporal o permanente. A pesar de que sus síntomas más reconocibles están ampliamente asociados a la afectación de las arterias craneales, la GCA presenta una gran heterogeneidad clínica (Tabla 1). Una muestra de ello es un patrón inflamatorio alternativo que afecta en mayor medida a las grandes arterias extracraneales y que puede presentarse independientemente de la afectación craneal. Así, individuos con GCA pueden exhibir un cuadro clínico de ambos fenotipos, el craneal y el sistémico o extracraneal, que pueden solapar. Los pacientes con el fenotipo extracraneal presentan síntomas a una edad menor, con menor afectación isquémica craneal y éstos se desarrollan de forma bilateral más a menudo que en la GCA craneal¹¹⁻¹⁵.

Los pacientes con el fenotipo extracraneal pueden presentar sintomatología generalizada (30-60%), incluyendo fiebre, pérdida de peso, malestar y polimialgia reumática (PMR) (20-65%), así como claudicación de las extremidades debido a la afectación de grandes vasos^{12,16}.

Tabla 1. Síntomas y manifestaciones de los subtipos de la arteritis de células gigantes. Adaptado de Dejaco C, et al.¹⁷

Síntomas y manifestaciones	GCA extracraneal	GCA craneal
Dolor de cabeza	±	++
Arteria temporal inflamada	±	+
Soplo en arteria extracraneal	++	-
Claudicación mandibular o dolor de lengua	-	++
Manifestaciones o complicaciones visuales	-	++
Fiebre, pérdida de peso	++	+
Extremidades claudicantes/Presión arterial discrepante	++	-
Síntomas de polimialgia	++	+
Reactantes de fase aguda	+	++
Artritis periférica/síndrome RS3PE	±	±

++: *síntoma o manifestación muy frecuente*; +: *síntoma o manifestación frecuente*; ±: *síntoma o manifestación que podría presentarse*; RS3PE: *“remitting seronegative symmetrical synovitis with pitting edema”*

Es importante destacar que una gran parte de los pacientes con GCA desarrollan PMR, particularmente pacientes con el fenotipo extracraneal¹⁸. Alrededor del 46% de los pacientes con GCA reflejan dolor intenso en cuello, hombros y cintura pélvica asociado a una rigidez matutina, síntoma de este tipo de sinovitis que afecta a las estructuras periarticulares^{13,18,19}.

Las recaídas resultan frecuentes en pacientes con GCA y se refieren a la vuelta a un patrón activo de la enfermedad después de un período de control. La recaída puede ocurrir durante el curso del tratamiento o después de que se haya detenido. Los indicadores de una recaída pueden suponer un agravamiento de los síntomas iniciales de la enfermedad o la aparición de nuevas manifestaciones. Además, las recaídas se pueden clasificar como mayores, si se presentan características clínicas de isquemia y/o evidencia de inflamación aórtica activa, o menores, en el caso de reaparición de síntomas que no cumplan los anteriores requisitos¹¹.

I.II.III Diagnóstico y tratamiento

Diagnóstico

En la actualidad, el diagnóstico de la GCA es complejo debido a la falta de síntomas patognomónicos o marcadores biológicos específicos de la enfermedad, por lo que es necesario recurrir a una exhaustiva evaluación clínica, en la que se tienen en cuenta los datos extraídos de las pruebas de laboratorio e imagen. La sospecha de GCA se confirma en última instancia mediante un examen histológico²⁰.

En la evaluación clínica inicial se recogen los síntomas presentes, duración y progresión de los mismos, así como los antecedentes familiares relevantes. Además se lleva a cabo un examen físico para detectar posibles signos relacionados con la GCA, incluyendo la palpación de las arterias temporales para detectar sensibilidad o inflamación, o la evaluación de posibles signos visuales.

Las pruebas de laboratorio pueden ayudar al diagnóstico si se encuentran valores elevados en el análisis de la velocidad de sedimentación globular, la proteína C reactiva o citoquinas proinflamatorias, como la interleuquina-6 (IL-6). Todos ellos marcadores comunes de enfermedades inflamatorias que se utilizan para monitorizar la actividad de la enfermedad^{21,22}.

Actualmente la capacidad de diagnóstico de la GCA ha experimentado una notable transformación gracias a la aplicación de técnicas de imagen avanzadas como la tomografía por emisión de positrones, la angiografía por resonancia magnética o la ecografía *Doppler*. Estas pruebas contribuyen a una mejora en la detección temprana de la inflamación vascular característica de las vasculitis de

grandes vasos además de brindar información crucial para guiar la estrategia terapéutica^{23,24}.

Es importante comentar que el principal método de diagnóstico de esta enfermedad continúa siendo a día de hoy la biopsia positiva de la arteria temporal, que se realiza para confirmar la presencia de un infiltrado inflamatorio en la arteria. Esta intervención está dejando de realizarse de forma rutinaria y se recomienda en primer lugar el uso de las técnicas de imagen antes mencionadas por ser menos invasivas para los pacientes. Sin embargo, existen estudios que apuntan a que ésta sigue siendo la técnica diagnóstica con mayor sensibilidad y especificidad para el diagnóstico de la GCA^{25,26}.

El tiempo promedio para el diagnóstico de la GCA craneal es de 2,6 meses, con un rango variable de 0,5 a 11 meses. En cambio, en la GCA extracraneal el tiempo promedio aumenta hasta los 8,1 meses. Probablemente, esto se deba a la inespecificidad de los síntomas así como a un amplio rango de patologías de origen infeccioso, inflamatorio o inmunitario que pueden provocar inflamación de los grandes vasos²⁷⁻²⁹. A esto hay que añadir que la sensibilidad de la biopsia de la arteria temporal se ha establecido en torno al 77%, en la que los pacientes no siempre presentan un resultado positivo, lo que seguramente contribuye al retraso en el diagnóstico^{26,30}.

En cuanto a los criterios de clasificación para el diagnóstico e inclusión de pacientes con GCA en investigación clínica, desde su creación en 1990, se han utilizado los elaborados por el ACR³¹. En ellos se establecen 5 criterios y se evalúa la presencia de GCA en aquellos pacientes con 3 o más criterios con una sensibilidad del 93,5% y una especificidad del 91.2% (Tabla 2). Sin embargo, estos criterios se han actualizado recientemente, pasando a utilizarse la clasificación de

2022³². En esta se detallan un conjunto de parámetros que, de estar presentes, suman riesgo de padecer GCA. Un valor mayor de 6 en esta escala es suficiente para clasificar como GCA a un individuo diagnosticado con vasculitis de vasos grandes. Estos criterios actualizados poseen una sensibilidad del 87.0% y una especificidad del 94.8% (Anexo 1).

Tabla 2. Criterios de clasificación ACR 1990 para la arteritis de células gigantes. Adaptado de Hunder GG, et al. 1990³¹.

Criterios	Definición
1. Edad de inicio de la enfermedad \geq 50 años	Desarrollo de síntomas o manifestaciones a partir de los 50 años o mayor.
2. Nuevo dolor de cabeza	Inicio o nuevo tipo de dolor localizado en la cabeza
3. Anomalía de la arteria temporal	Sensibilidad de la arteria temporal a la palpación o disminución de la pulsación, no relacionada con arteriosclerosis de las arterias cervicales
4. Elevada velocidad de sedimentación globular (VSG)	Velocidad de sedimentación globular \geq 50 mm/h por el método Westergren
5. Biopsia arterial anormal	Biopsia arterial mostrando vasculitis caracterizada por una predominancia de infiltración de células mononucleares o inflamación granulomatosa, generalmente con células gigantes multinucleadas

Tratamiento

En lo que respecta al tratamiento, los glucocorticoides (GCs) siguen siendo el pilar fundamental en el manejo de la GCA debido a su acción antiinflamatoria y capacidad para reducir la progresión de las lesiones vasculares. En el caso de la GCA, las directrices de la *European Alliance of Associations for Rheumatology* (EULAR) y del ACR recomiendan el uso de altas dosis de GCs (40–60 mg o 1 mg/kg hasta 80 mg de prednisona o equivalente) en el momento de la sospecha de arteritis de grandes vasos, con el objetivo de disminuir el riesgo de las complicaciones más graves e irreversibles, y una reducción progresiva de los mismos a niveles de mantenimiento a partir de la remisión de la enfermedad¹¹. Sin embargo, la administración de altas dosis de GCs en el organismo supone una carga considerable, especialmente en personas de avanzada edad, las cuales experimentan efectos secundarios derivados de la toxicidad del tratamiento en un 80% de las ocasiones³³. Además, en dosis más bajas son menos efectivos y resultan en una mayor tasa de recaídas. En este sentido, se busca la optimización de la dosis y duración del tratamiento con GCs, así como la identificación de enfoques terapéuticos adicionales que permitan la reducción de la dependencia de estos agentes y sus efectos adversos a largo plazo.

En este contexto, el tocilizumab (TCZ), un anticuerpo monoclonal humanizado que bloquea el receptor de la IL-6 (IL-6R), ha sido recientemente aprobado para el tratamiento de la GCA. Al bloquear la acción de IL-6, un mediador clave de la inflamación en esta vasculitis, se produce una reducción de los síntomas con la consecuente disminución de la dependencia a los GCs en algunos pacientes. Esta terapia dirigida representa un importante avance en la búsqueda de

estrategias más específicas y con menos efectos secundarios. En las guías de la EULAR más recientes, el TCZ se considera como una terapia adyuvante a los GCs en casos seleccionados, como pacientes con un riesgo elevado de desarrollar efectos secundarios o complicaciones relacionadas con este tratamiento, o para casos recidivantes o refractarios que requieren terapia con GCs a largo plazo¹¹. Sin embargo, en las guías del ACR, la administración conjunta de TCZ con GCs se considera como terapia de primera línea en todos los pacientes³⁴. No obstante, un porcentaje significativo de los pacientes tratados con TCZ, alrededor del 20%, experimenta recaídas³⁵.

I.II.IV Inmunopatogénesis de la arteritis de células gigantes

El modelo inmunopatológico establecido actualmente sobre el desarrollo de la GCA se puede dividir en cuatro fases principales (Figura 3):

Fase 1: Activación de las células dendríticas y pérdida de tolerancia

Las células dendríticas presentes en la lámina adventicia se encuentran realizando una función de inmunovigilancia^{36,37}. Estas células pueden inducir tolerancia inmunológica en ausencia de una señal de peligro o desencadenar una respuesta inmunológica adaptativa a través de receptores de reconocimiento de patrones (PPRs), como los receptores de tipo toll (TLRs, *toll-like receptors*)³⁸. Por causas que aún no se conocen, en la GCA, las células dendríticas detectan una señal de peligro a través de los TLRs, lo que induce su activación. Esto conlleva un aumento en la expresión de moléculas del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC, *major histocompatibility complex*) de clase

II y proteínas coestimuladoras (CD80 y CD86), así como la producción de citoquinas y quimioquinas responsables del reclutamiento de células T CD4+ a la pared arterial. La interacción con las células dendríticas habilita la activación de las células T CD4+ reclutadas. En la GCA, las células dendríticas producen quimioquinas CCL19 (*chemokine (C–C motif) ligand-19*) y CCL21 y expresan el receptor CCR7 (*CC-chemokine receptor 7*), promoviendo su residencia en el tejido arterial en lugar de migrar hacia los ganglios linfáticos más próximos, como ocurre en una respuesta inmunológica clásica³⁶.

En un modelo de ratones inmunodeprimidos (NOD-SCID) injertados con arterias temporales, se ha demostrado que la activación de las células dendríticas es necesaria para desencadenar el reclutamiento de células T a la pared arterial, rompiendo la naturaleza inmunoprivilegiada que exhibe este tejido³⁹. También se ha demostrado un papel importante de las células dendríticas en la patogénesis de la GCA mediante la depleción de las mismas en este modelo murino, lo que resultó en una disminución significativa de las lesiones vasculares y de la expresión de interferón gamma (IFN- γ)⁴⁰. El tropismo de la GCA por las arterias craneales también podría estar relacionado con las características de las células dendríticas arteriales, ya que se demostró que la expresión de TLRs variaba en los territorios arteriales y que los perfiles de expresión de TLRs de las arterias típicamente afectadas por la GCA eran muy similares⁴¹.

Fase 2: Reclutamiento, activación y diferenciación de las células T CD4+

Las células T CD4+ se encuentran fisiológicamente ausentes en las paredes de las arterias sanas. Sin embargo, en la GCA, las células T CD4+ son reclutadas a través de las quimioquinas CCL18, CCL19, CCL20 y CCL21 producidas por las células dendríticas activadas³⁶.

Entre estas quimiocinas, la CCL20 juega un papel especialmente importante, ya que desencadena el reclutamiento de células T CD4+ que expresan CCR6^{42,43}.

Se cree que las células T son reclutadas en primer lugar a través de los vasa vasorum de la adventicia, infiltrando posteriormente las capas internas, ya que no se ha observado nunca inflamación afectando exclusivamente a la íntima⁴⁴. En estos capilares las células endoteliales expresan elevados niveles de moléculas de adhesión, incluyendo ICAM-1 (intercellular Adhesion Molecule 1), VCAM-1 (vascular cell adhesion molecule-1), P-selectina y E-selectina, permitiendo el reclutamiento de células inmunológicas adicionales⁴⁵.

Los monocitos circulantes producen grandes cantidades de metaloproteinasa de matriz 9 (MMP-9, *matrix metalloproteinase*) que permite la digestión de la membrana basal de los vasa-vasorum, facilitando la infiltración a través de la adventicia de otros tipos celulares inflamatorios⁴⁶. Otros mecanismos asociados a esta infiltración y al mantenimiento de la inflamación se producen a través de las rutas del factor de crecimiento del endotelio vascular (VEGF, *vascular endothelial growth factor*)-NOTCH1-Jagged1 y PD-1 (*programmed cell death protein 1*)/PD-L1 (*programmed cell death ligand 1*). En los pacientes con GCA, los linfocitos T CD4+ expresan de manera significativa el receptor de membrana NOTCH1^{47,48}. Este receptor reconoce a la proteína de adhesión Jagged1, la cual se encuentra ampliamente expresada en la superficie de las células endoteliales del tejido vascular⁴⁷. Esta interacción aumentada entre NOTCH1 y Jagged1 podría ser uno de los factores que contribuyen a la infiltración excesiva de linfocitos T CD4+ en el tejido arterial. Además, otro mecanismo relevante es la alteración en la función de PD-1 y su ligando PD-L1. La deficiencia de PD-L1 en monocitos supone que estas células fallen al atenuar la actividad de las

células T CD4+ PD-1+, permitiendo una mayor infiltración y estimulación de la respuesta inmunológica en el tejido vascular⁴⁹.

Una vez reclutadas en la pared arterial, las células T CD4+ son activadas por las células dendríticas a través de antígenos aún sin identificar. La presencia de las citoquinas proinflamatorias IL-12, IL-23, IL-6 e IL-1 β , producidas por las células dendríticas, da lugar a la diferenciación de las células T CD4+ hacia un perfil Th1 y Th17^{42,50}. Esta diferenciación hacia Th1 y Th17 en lugar de Th2 o células T reguladoras (Tregs) se ve favorecida por el reclutamiento preferencial de células T CD4+CD161+ que expresan CCR6 y tienen tendencia a polarizarse hacia células Th17 y Th1⁴². Además, se ha demostrado que la IL-6 impide la función de las Tregs, disminuye su frecuencia y favorece la producción de IL-17 por parte de este tipo celular⁵¹.

La comunicación celular en este entorno se basa en señales de citoquinas que activan la ruta de señalización JAK (*janus kinases*) -STAT (*signal transducer and activator of transcription proteins*). La función de las células Th1 está estrechamente vinculada a la inducción génica mediada por STAT1 y STAT4, mientras que STAT3 se considera el regulador principal de la diferenciación de las células Th17.

Fase 3: Reclutamiento de células T CD8+ y monocitos

La infiltración de células Th1 y Th17 en la pared arterial propicia la producción de grandes cantidades de IFN- γ e IL-17, respectivamente. En este sentido, el IFN- γ induce la producción de varias quimioquinas (CCL2, CXCL9, CXCL10 y CXCL11) por parte de las células musculares lisas vasculares (VSMC, *vascular smooth muscle cells*) que induce el reclutamiento de nuevas células Th1 y CD8+ citotóxicas⁵². A través de la producción de moléculas citotóxicas (granzimas y perforina) e IFN- γ , las

células T CD8+ podrían ser de particular importancia para iniciar vías de remodelación vascular⁵³, aunque existen resultados contradictorios sobre la relevancia de este tipo celular en GCA .

Se ha observado una alteración de los distintos subtipos de monocitos en la sangre de los pacientes con GCA^{54,55}. El reclutamiento de monocitos clásicos (CD14^{bright}CD16⁻) depende principalmente del eje CCR2-CCL2, mientras que el de los monocitos no clásicos (CD14^{dim}CD16⁺) depende del eje CX3CR1-CX3CL1⁵². Por otro lado, el IFN-γ induce la producción de CCL2 por parte de las VSMC, lo que conduce al reclutamiento de monocitos clásicos que, en última instancia, se fusionarán para formar las células gigantes multinucleadas características de la GCA⁵⁶. En esta línea, existen estudios en los que se detectaron macrófagos con fenotipos tanto de monocitos clásicos como no clásicos en pacientes con GCA, por lo que la contribución e influencia de los distintos subtipos de monocitos en la patogénesis de la GCA está aún por determinar y se requerirán nuevas investigaciones que arrojen luz a esta cuestión^{52,55,57}.

Fase 4: Daño vascular y remodelación

En último lugar, se produce un proceso de remodelación de la pared arterial, que producirá los signos isquémicos característicos de la GCA como consecuencia del estrechamiento progresivo del lumen vascular. Durante esta remodelación se destruye la lámina media arterial y se genera una neo-íntima con la participación de gran cantidad de miofibroblastos y proteínas de la matriz extracelular⁵⁸.

Los macrófagos, desempeñan un papel fundamental en este proceso, liberando diversas enzimas y factores de crecimiento. Existen dos tipos principales de macrófagos con perfiles muy distintos: un perfil

de macrófagos proinflamatorios M1 que producen citoquinas proinflamatorias, factores de crecimiento, MMPs y especies reactivas del oxígeno; y un perfil antiinflamatorio o M2 con funciones de reparación del tejido⁵⁵. Un estudio enfocado en los distintos fenotipos de macrófagos en arterias de pacientes con GCA mostró que los macrófagos M1 se localizan en áreas de destrucción tisular, mientras que los macrófagos M2 se hallan en la íntima interna de arterias con signos de hiperplasia intimal⁵⁹.

Las MMPs, en especial MMP-2 y MMP-9, también son cruciales en la remodelación vascular, siendo estas las principales MMP detectadas en las lesiones de GCA⁶⁰. Su capacidad de degradar elastina y destruir proteínas de la matriz extracelular les permite participar en la destrucción de la membrana elástica interna y la hiperplasia de la íntima⁴⁶. Estos eventos conducen a la liberación de factores de crecimiento mesenquimales como el factor de crecimiento transformante beta (TGF- β , *transforming growth factor beta*), el factor de crecimiento de fibroblastos (FGF, *fibroblast growth factor*), el VEGF y el factor de crecimiento epidérmico (EGF, *epidermal growth factor*) por parte de las VSMCs y los macrófagos. La combinación de estas moléculas con las especies reactivas de oxígeno, generadas durante el proceso inflamatorio, contribuye al proceso de angiogénesis y a la inducción de la apoptosis de las VSMCs (figura 3)^{61,62}.

Además, otros tipos celulares parecen contribuir en menor medida a la patogénesis de la GCA. En cuanto a las células B, se ha observado una infiltración anormal en el tejido aórtico contribuyendo a la formación de órganos linfoides terciarios y, por tanto, otorgándoles un rol patogénico aún por estudiar⁶³. Los neutrófilos, por su parte, pueden infiltrar las paredes arteriales y liberar enzimas proteolíticas y especies reactivas de oxígeno, contribuyendo al daño vascular y a la inflamación,

además se ha observado la presencia de trampas extracelulares de neutrófilos (NETs) en biopsias de la arteria temporal, un rasgo característico de este tipo celular^{64,65}.

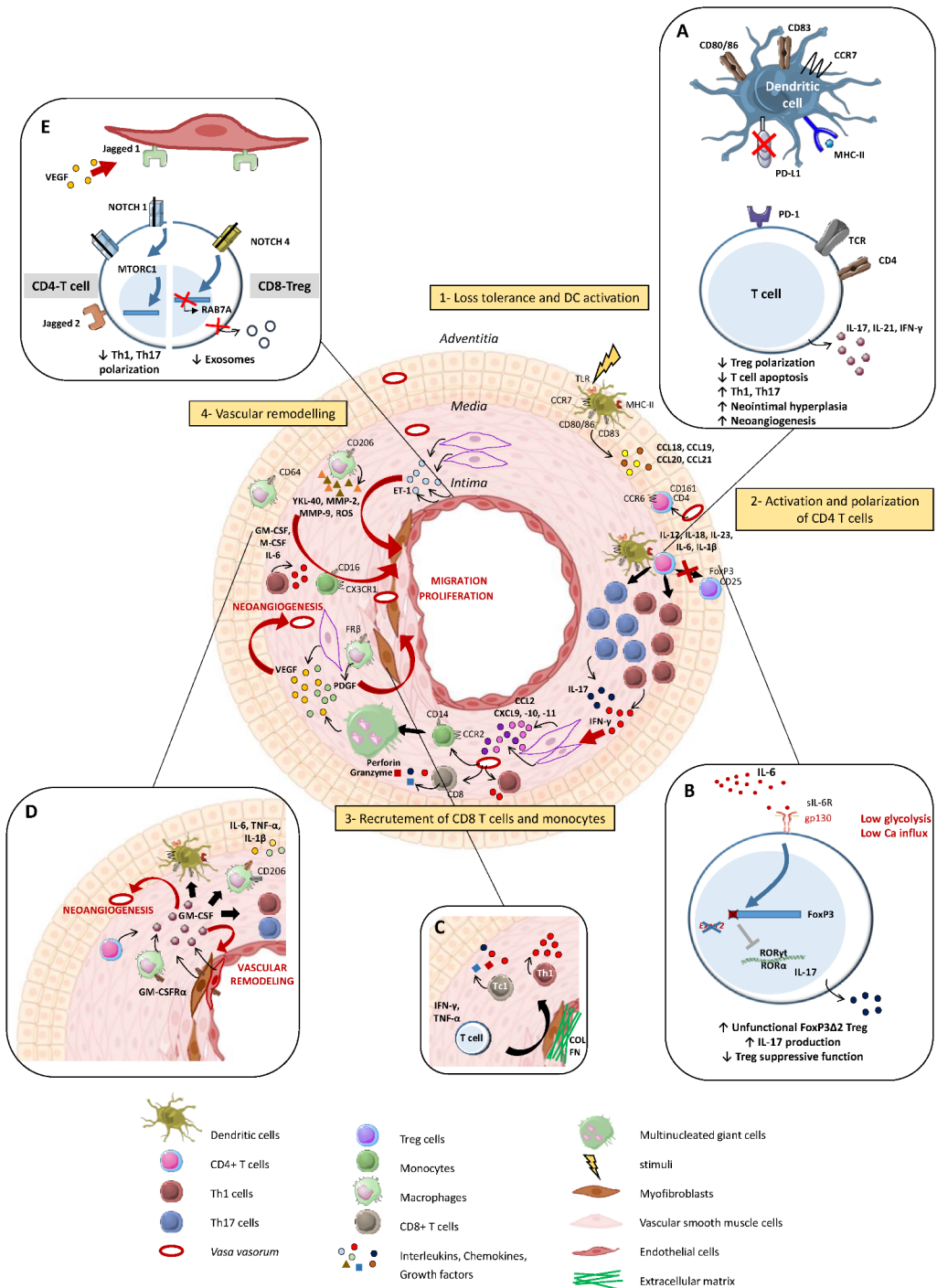


Figura 3. Esquema del proceso patológico en la arteritis de células gigantes. Extraído de Greigert H, et al⁶².

I.II.V Etiología

A pesar de su reconocimiento clínico desde hace décadas, la etiología subyacente a la GCA sigue siendo una incógnita por su complejidad y los múltiples factores implicados en su desarrollo. En este apartado se enumeran los factores etiológicos que podrían desencadenar la GCA.

Factores genéticos

Las variaciones étnicas y geográficas descritas en la incidencia de la GCA sugieren que la contribución genética al riesgo de desarrollar esta enfermedad es considerable. Se han realizado varios estudios de agregación familiar en los que se reconoce esta predisposición genética^{66,67}, aunque la heredabilidad específica de esta enfermedad compleja resulta difícil de definir. Los avances en genómica han proporcionado un terreno fértil en la búsqueda de la base genética de la GCA. Diversos estudios de asociación han identificado regiones cromosómicas que podrían estar relacionadas con la susceptibilidad a la enfermedad. Sin embargo, aún queda por descubrir cómo estos y otros genes relacionados interactúan y contribuyen al desencadenamiento de la inflamación arterial característica de la GCA. Los estudios genéticos mencionados se expondrán con mayor profundidad en el apartado I.III de esta tesis doctoral.

Factores Ambientales.

El entorno en el que vive el individuo también podría estar influyendo en la activación y progresión de la enfermedad. En este sentido, se ha puesto de manifiesto la posible interacción entre infecciones de tipo viral o bacteriana y un aumento en la incidencia de la

GCA, sugiriendo una relación entre la exposición a patógenos y el riesgo de desarrollar esta vasculitis^{68,69}. Diversos agentes infecciosos, tales como citomegalovirus, virus de Epstein-Barr, *Mycoplasma pneumoniae*, parvovirus B19 o *Chlamidia pneumoniae*, han sido sugeridos como potenciales desencadenantes de la GCA⁷⁰⁻⁷⁴. Sin embargo, los estudios llevados a cabo no han resultado concluyentes por la dificultad que supone identificar la acción concreta de patógenos en enfermedades multifactoriales. Cómo esta acción puntual o sostenida en el tiempo encaja en la inmunopatogénesis de la enfermedad requerirá de investigaciones adicionales.

En cuanto al estilo de vida, existe limitada evidencia acerca del riesgo que conlleva mantener un estilo de vida perjudicial en el desarrollo de la GCA. Sin embargo, algunos estudios sugieren una correlación entre ciertos factores, como el tabaquismo o un bajo índice de masa corporal (IMC), y la GCA. Estos pueden estar asociados con un sistema vascular debilitado y una menor producción de estrógenos en las mujeres, lo que podría implicar una mayor permeabilidad frente a agentes infecciosos y células inmunológicas, así como una mayor propensión a la inflamación crónica⁷⁵.

Envejecimiento e inmunosenescencia

La edad de diagnóstico evidencia que el envejecimiento es una característica inherente a la GCA y, de hecho, una edad avanzada constituye el principal factor de riesgo a esta vasculitis. El proceso de envejecimiento provoca una profunda reestructuración del sistema inmunitario, que suele asociarse a una disminución de su protección frente a las infecciones. En el caso de las células T, el envejecimiento conduce a la acumulación de un conjunto diverso de fenotipos asociados al mismo, algunos de los cuales han sido implicados en la

inflamación de los tejidos en las enfermedades autoinmunes⁷⁶. En este sentido, la inmunosenescencia de los principales tipos celulares implicados en la inmunidad, puede generar un estado de inflamación crónica, promoviendo la aparición de enfermedades autoinmunes como la GCA. En combinación con este estado crónico, distintas alteraciones del endotelio vascular derivadas del proceso de envejecimiento como una mayor rigidez, engrosamiento o degeneración de las paredes arteriales podrían generar una respuesta frente a autoantígenos arteriales derivando en el desarrollo de una vasculitis⁷⁷. Estos mecanismos de senescencia explican parcialmente la influencia de la edad en el desarrollo de esta vasculitis (Figura 4)⁷⁷⁻⁸⁰.

No obstante, los detalles moleculares del envejecimiento de las células inmunológicas que participan en la GCA están aún por dilucidar.

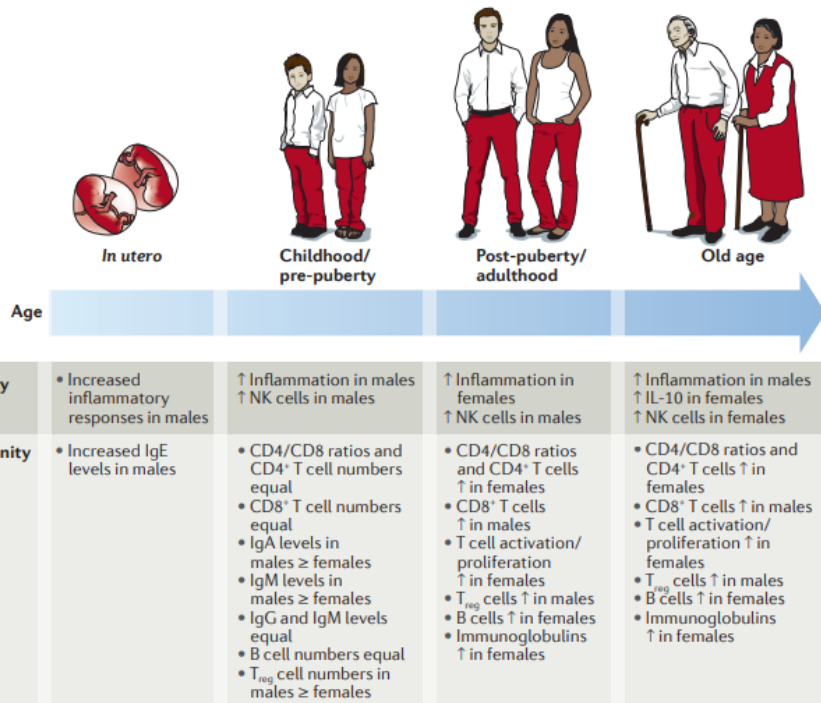


Figura 4. Tabla resumen de los cambios asociados a la edad en distintos tipos de células inmunológicas. Extraída de Klein and Flanagan, 2016.⁸¹

Dimorfismo sexual

En las enfermedades de carácter autoinmune es frecuente encontrar un dimorfismo sexual en el que las mujeres representan un mayor porcentaje de los individuos afectados. Aunque en general existen varias teorías al respecto, en el caso específico de la GCA estas diferencias se han relacionado con factores hormonales, genéticos e inmunológicos. Alteraciones en los patrones de las hormonas sexuales femeninas en edades pre-menopáusicas, tales como una disminución drástica de los niveles de estrógeno o estradiol modifican directamente la actividad de diversos componentes celulares del sistema inmunológico⁸¹. Así, se ha asociado la menopausia a edades tempranas, en la que está implicado unos bajos niveles de estrógeno, con un mayor riesgo de padecer GCA⁷⁵. Estas diferencias en la respuesta inmunológica entre hombres y mujeres podrían contribuir a un mayor dimorfismo sexual en GCA. Algunos estudios sugieren que ciertos genes podrían estar relacionados con un mayor riesgo de desarrollar la enfermedad y podría haber diferencias genéticas entre hombres y mujeres que influyan en esta disparidad⁸². De hecho, se ha observado que las mujeres a menudo tienen una respuesta inmunológica adaptativa más activa y una mayor producción de citoquinas proinflamatorias^{83,84}, lo que podría estar relacionado con la inmunopatogénesis que se produce en la GCA.

I.III. Aproximaciones -ómicas en la arteritis de células gigantes

I. III.I Estudios genómicos

En los últimos años los estudios de asociación han resultado de gran utilidad en la comprensión de las bases genéticas de las enfermedades complejas, como la GCA y otras vasculitis sistémicas. Estos estudios buscan identificar la asociación estadística de variantes genéticas, principalmente polimorfismos de un único nucleótido (SNP, *single nucleotide polymorphism*), con un determinado rasgo o enfermedad.

Existen dos tipos de estudios de asociación genética, los estudios de asociación de gen candidato, en los que se analizan unos pocos SNPs localizados en un gen de interés, y los estudios de asociación del genoma completo (GWAS, *genome wide association studies*), en los que se analizan hasta millones de SNPs distribuidos por todo el genoma. Estos últimos han cobrado especial relevancia en los últimos años, ya que permiten conocer el componente genético de la enfermedad en cuestión mediante un enfoque agnóstico, en el que no solo no se necesitan asunciones previas sino que, en base a los resultados obtenidos, se pueden establecer nuevas hipótesis⁸⁵. Además, en los últimos años, se han desarrollado algoritmos de imputación mediante los cuales es posible inferir variantes no genotipadas basándose en la existencia de desequilibrio de ligamiento entre éstas y otras variantes para las que sí se dispone del genotipo, mediante la comparación con haplotipos de paneles de referencia⁸⁶. Esto permite aumentar en gran medida el número de SNPs analizado en los GWAS, facilitando la identificación de variantes causales. Sin embargo, debido

al gran número de comparaciones realizadas en los GWAS se debe establecer un umbral de significación muy restrictivo para evitar la identificación de asociaciones falsas. En este sentido, el umbral de significación establecido para este tipo de estudios es $p < 5E-08$, que corresponde a una corrección de Bonferroni considerando un millón de SNPs independientes.

Con posterioridad al desarrollo de los GWAS, considerando el gran solapamiento genético que existe entre las enfermedades autoinmunes, se creó la plataforma ImmunoChip. Esta plataforma de genotipado contiene alrededor de 200.000 variantes, incluyendo SNPs y otras inserciones-delecciones, de particular interés en enfermedades inmunomediadas, incluyendo más de 180 *loci* asociados con autoinmunidad y una densa cobertura de la región del antígeno leucocitario humano (HLA, *human leukocyte antigen*).

Estudios genéticos en la GCA

En el caso de la GCA, el desarrollo de las plataformas de genotipado masivo y la formación de consorcios centrados en este grupo de enfermedades ha conseguido un éxito significativo en la identificación de su componente genético⁸⁷.

Al igual que en otras enfermedades relacionadas con el sistema inmunológico, los primeros estudios que exploraron asociaciones genéticas en la GCA identificaron la región del HLA como la más fuertemente asociada. Específicamente, esta asociación se debía principalmente a los alelos de clase II *HLA-DRB1*0401* y *HLA-DRB1*0404*, los cuales, además, se relacionaron tanto con una menor reacción al tratamiento con GCs, como con un mayor riesgo de padecer alteraciones de la vista^{88,89}.

Posteriormente, también se han descrito asociaciones en *loci* localizados fuera de la región HLA a través de estudios de genes candidatos. Algunos de ellos, incluyendo *IL33*, *IL17A* y *NLRP1*⁹⁰⁻⁹², fueron validados en estudios posteriores, representando así un aumento del riesgo genético conocido en la GCA. No obstante, su papel en la susceptibilidad a esta vasculitis está aún por confirmar.

Además de los estudios de asociación de gen candidato, en GCA se han llevado a cabo dos estudios genéticos a gran escala, un GWAS y un Immunochip, que han contribuido en gran medida al conocimiento de su componente genético. Ambos validaron los resultados anteriormente descritos, identificando al alelo *HLA-DRB1*04* como la variante con mayor nivel de significación. Además, los *loci* *PTPN22*, *PLG* y *P4HA2*, todos fuera de la región HLA, también resultaron asociados a GCA, sugiriendo un papel en su predisposición genética^{93,94}.

PTPN22 codifica LYP, una tirosina fosfatasa implicada en varias vías de señalización inmunológica. Concretamente, la señal más asociada dentro de este gen correspondía a la variante funcional rs2476601, que ha sido asociada a múltiples trastornos mediados por el sistema inmunológico⁹⁵. *PLG* codifica el plasminógeno, que tiene un papel crucial en procesos relevantes para la GCA, como la angiogénesis, el reclutamiento de linfocitos y la producción de mediadores inflamatorios como el factor de necrosis tumoral alfa (TNF- α , *tumor necrosis factor alpha*) y la IL-6⁹⁶, mientras que *P4HA2* es un gen importante en la respuesta a hipoxia⁹⁷.

A pesar de estos hallazgos, es importante destacar que los factores genéticos identificados hasta el momento solo explican una parte limitada del componente genético asociado al desarrollo de la

GCA. Así, el número de *loci* asociados con esta vasculitis hasta el momento es muy inferior al descrito en otras enfermedades reumáticas, lo que sugiere que aún existe una parte significativa de la heredabilidad de la GCA por descubrir. Esto mismo ocurre en otras vasculitis sistémicas, en las que, a pesar del considerable número de estudios genéticos a gran escala realizados, el número de asociaciones identificadas es aún muy limitado (Figura 5)⁸⁷. Esto se debe principalmente a la baja frecuencia de estas patologías, lo cual supone un obstáculo importante en este tipo de estudios en los que se requieren el análisis de grandes cohortes para identificar asociaciones consistentes. Por lo tanto, para aumentar nuestro conocimiento sobre las bases genéticas de las vasculitis sistémicas, es necesario realizar nuevos estudios, en los que se aumente el tamaño muestral.

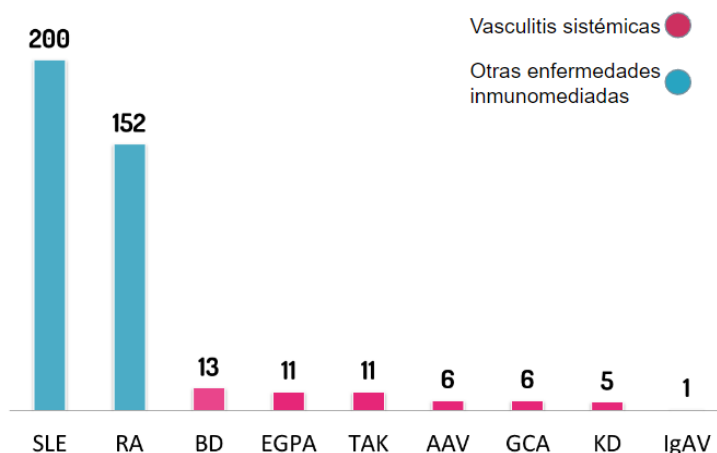


Figura 5. Número de variantes genéticas de riesgo asociadas a las vasculitis y a otras enfermedades inmunomediadas.

SLE: Lupus eritematoso sistémico; RA: Artritis reumatoide; BD: Enfermedad de Beçet; EGPA: Granulomatosis eosinofílica con poliangeítis; TAK: Arteritis de Takayasu; AAV: Vasculitis asociada a ANCA; GCA: Arteritis de células gigantes; KD: Enfermedad de Kawasaki; IgAV: Vasculitis asociada a IgA

Componente genético compartido en vasculitis

Basándose en la, ya conocida, existencia de un componente genético compartido en autoinmunidad^{98,99}, en los últimos años ha surgido un nuevo enfoque que consiste en combinar datos genómicos de diferentes enfermedades relacionadas considerándolas como un único fenotipo, amplificando así el tamaño muestral del estudio. Esta aproximación, denominada "*cross-phenotype meta-analysis*", ha demostrado ser muy útil para la identificación de *loci* de riesgo compartidos entre distintas enfermedades con base inmunológica o inflamatoria, identificando genes y vías moleculares compartidos¹⁰⁰⁻¹⁰³. Considerando la baja prevalencia de las vasculitis, esta estrategia se presenta, por tanto, como idónea para identificar nuevos *loci* de riesgo y explorar el componente genético compartido entre estas patologías. En este sentido, en los últimos años se han realizado dos estudios en vasculitis utilizando esta aproximación, identificando nuevas asociaciones en los genes *KDM4C*, que codifica una desmetilasa que regula los niveles de metilación de los residuos de histonas, e *IL12B*, que codifica una subunidad compartida por IL-12 e IL-23^{104,105}. Sin embargo, estos estudios presentan ciertas limitaciones, ya que no incluyeron algunas de las principales formas de vasculitis y utilizaron plataformas de genotipado de baja cobertura, como es el caso del Immunochip.

Por ello, durante el transcurso de esta tesis doctoral, decidimos continuar utilizando esta estrategia con el fin de identificar nuevos *loci* de riesgo en vasculitis. Para ello, analizamos, en un inicio, datos genómicos de dos vasculitis infantiles, enfermedad de Kawasaki y vasculitis IgA, que no habían sido previamente estudiadas¹⁰⁶ y, posteriormente, realizamos un estudio exhaustivo del solapamiento

genético en vasculitis incluyendo las principales formas de vasculitis sistémica. No obstante, dado que los datos del estudio realizado en vasculitis infantiles se incluyeron posteriormente en este segundo análisis más amplio, en esta memoria se describirán únicamente los resultados de este último estudio con el fin de no incluir resultados redundantes.

I.III.II Estudios transcriptómicos

La transcriptómica es una rama de las ciencias -ómicas que busca la caracterización y cuantificación exhaustiva del transcriptoma, es decir, el conjunto completo de ARN mensajero (ARNm) presente en una célula o tejido. A día de hoy se ha convertido en una herramienta indispensable para desentrañar las redes de regulación genética en diferentes contextos biológicos y/o condiciones patológicas¹⁰⁷.

Tradicionalmente los estudios transcriptómicos se han llevado a cabo a través de dos metodologías distintas: microarrays y secuenciación de ARN. En las etapas más iniciales, el uso de microarrays permitió el estudio de la expresión de miles de genes de forma simultánea. Sin embargo, aunque los microarrays han sido fundamentales en los inicios de la era genómica, la secuenciación de nueva generación ha ido ganando terreno. En particular, la secuenciación de ARN ha reemplazado gradualmente a los microarrays en muchos estudios transcriptómicos. Esto se debe a múltiples factores, como una mayor sensibilidad y precisión, así como la capacidad de detectar nuevos transcritos sin conocimiento previo. Los estudios de secuenciación de ARN proporcionan un panorama amplio de la expresión génica, permitiendo la identificación de patrones de expresión, rutas metabólicas y redes de regulación en procesos patológicos^{107,108}.

Estudios transcriptómicos en la GCA

Hasta el momento, solo se han llevado a cabo tres estudios transcriptómicos en la GCA. En uno de ellos se analizó la expresión génica diferencial entre pacientes de GCA e individuos sanos en células T CD4+ y CD8+ mediante un estudio longitudinal. Durante los 12 meses

de duración del estudio, se identificaron 179 genes diferencialmente expresados en células T CD4+ y seis en CD8+. Además, se detectaron genes utilizados para el diagnóstico de la enfermedad y tratamiento de la patología, que además se relacionaban con las manifestaciones clínicas de la enfermedad, como por ejemplo, relacionando la presencia del gen *IL32* con la PMR, la pérdida de visión bilateral y la mortalidad¹⁰⁹.

Otro estudio comparó los perfiles de expresión génica en células Tregs de pacientes con GCA en estado activo y en remisión, así como en controles sanos. Se identificaron genes desregulados relacionados con factores de transcripción muy relevantes en la respuesta inmunológica (*FOXP3* e *IRF4*), mediadores de la vía de señalización de la IL-2 y diversas enzimas glucolíticas¹¹⁰.

Finalmente, en un estudio muy reciente, se analizó el ARN de sangre total de pacientes con GCA sin tratamiento y se comparó con pacientes con arteritis de Takayasu y controles. De esta forma se revelaron hasta 739 genes diferencialmente expresados. El análisis funcional sugirió una disminución de la expresión de genes implicados en la activación de las células B, así como una regulación positiva de la activación de los macrófagos¹¹¹.

Secuenciación de ARN de célula única

A pesar de la capacidad de la secuenciación de ARN para proporcionar una observación precisa y cuantificable de la expresión génica en un tejido o suspensión celular, estos estudios también presentan ciertas limitaciones. Una de las más destacables reside en la incapacidad de esta técnica de discriminar entre las distintas poblaciones celulares analizadas en la muestra, proporcionando un valor de expresión promedio para cada gen identificado. Esto implica que la heterogeneidad celular intrínseca de los tejidos y órganos se ve enmascarada debido al análisis global.

En las últimas décadas, los avances técnicos en microfluídica, ingeniería molecular y citometría de flujo aplicados al área de la transcriptómica han permitido el desarrollo de una nueva metodología denominada secuenciación de ARN de célula única . Esta metodología se ha convertido en los últimos años en una poderosa herramienta para el estudio de la biología celular y molecular a unos niveles de resolución sin precedentes. Su principal ventaja resulta de la combinación de métodos que permiten la separación física de células individuales y la secuenciación de ARN a gran escala, lo que permite capturar el transcriptoma de miles de células de manera simultánea. Este avance permite una caracterización detallada de la heterogeneidad celular, la identificación de subpoblaciones específicas o sobrerrepresentadas en una determinada enfermedad y la revelación de nuevos conocimientos sobre los procesos biológicos que subyacen a diversas patologías. Todo esto ha supuesto un entendimiento más completo de la complejidad biológica de los tejidos y órganos¹¹².

Estas tecnologías se vienen aplicando de forma creciente en una amplia variedad de contextos en el campo de las ciencias de la salud,

siendo especialmente interesantes en el estudio de enfermedades complejas como el cáncer o las enfermedades autoinmunes¹¹³. Así, los resultados obtenidos han permitido identificar nuevos tipos celulares implicados en enfermedades inmunomediadas así como perfiles de expresión específicos de estas patologías^{114–117}.

Además, la capacidad de capturar la información transcriptómica de células individuales en tejidos clínicamente relevantes ha llevado a avances en medicina personalizada y enfoques terapéuticos más precisos. La identificación de subpoblaciones celulares implicadas en la patogénesis de enfermedades ha abierto nuevas oportunidades para el desarrollo de terapias dirigidas específicamente a estas células¹¹⁸.

Existe también la posibilidad de secuenciar el repertorio del receptor de células T (TCR, *T cell receptor*) de forma simultánea al análisis de expresión. Esta técnica permite examinar la diversidad y especificidad de los clones de células T a nivel de célula única, lo que permite estudiar la respuesta inmune adaptativa con una amplia resolución. Al combinar la información de la expresión génica y la información del TCR, es posible correlacionar la función y el estado de activación de las células T con su especificidad antigénica y su capacidad de expansión clonal^{119,120}.

Por todo lo expuesto, y considerando el papel crucial que juegan las células T CD4+ en la patogénesis de la GCA, durante el transcurso de esta tesis doctoral, decidimos llevar a cabo el primer estudio del transcriptoma a nivel de célula única de linfocitos T CD4+ de pacientes de GCA así como el análisis simultáneo del repertorio del TCR.

JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS

Los estudios llevados a cabo en los últimos años han permitido un avance significativo en el conocimiento de la patogénesis de la GCA. Sin embargo, aún estamos lejos de conocer los mecanismos moleculares implicados en esta vasculitis. Por ello, el objetivo principal de esta tesis fue el de mejorar la comprensión de las bases moleculares de la GCA aplicando nuevas estrategias de análisis genómico, así como mediante el estudio de los perfiles de expresión a nivel de célula única de linfocitos T CD4+, un tipo celular con un papel crucial en la GCA.

Los objetivos específicos de esta tesis doctoral fueron:

1. Identificar nuevos *loci* de susceptibilidad para la GCA y las principales vasculitis sistémicas, así como vías patogénicas comunes a estas enfermedades mediante un análisis combinado de datos genómicos.
2. Investigar el impacto funcional de las variantes genéticas identificadas en la biología de las células inmunológicas y tejidos relevantes en vasculitis.
3. Identificar subtipos de células T CD4+ involucrados en la patogénesis de la GCA así como perfiles de expresión génica específicos de esta vasculitis mediante la caracterización del transcriptoma de linfocitos T CD4+ a nivel de célula única en pacientes con GCA y controles sanos.
4. Determinar el papel potencial de estas subpoblaciones en la patogénesis de la GCA mediante el análisis de enriquecimiento de vías moleculares.

5. Caracterizar la diversidad del repertorio del TCR en las células T CD4+ de pacientes de GCA.
6. identificar nuevas dianas terapéuticas en la GCA así como fármacos potencialmente útiles para el tratamiento de ésta y otras vasculitis sistémicas.

MATERIALES Y MÉTODOS, RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Capítulo 1: Identificación de variantes de riesgo compartidas entre vasculitis sistémicas.

Como se ha mencionado en la introducción, varios son los estudios genéticos a gran escala que se han llevado a cabo tanto en la GCA como en otras vasculitis durante los últimos años⁸⁷. Sin embargo, solo unos pocos *loci* se han asociado de manera consistente con estos trastornos, incluida la región HLA, que representa el principal locus de riesgo genético para todos ellos⁸⁷. Este conocimiento limitado de su componente genético, en comparación con otros trastornos mediados por el sistema inmunológico, se debe principalmente a la baja prevalencia de las vasculitis, lo que limita en gran medida el poder estadístico de los estudios genéticos.

En los últimos años, el análisis combinado de los resultados de estudios genéticos a gran escala de diferentes enfermedades, a través de los llamados estudios de asociación "*cross-phenotype*", ha permitido superar el obstáculo relativo al tamaño muestral, identificando *loci* de riesgo genético compartidos entre trastornos relacionados. Así, este enfoque permitió explorar el solapamiento genético entre algunas vasculitis, específicamente entre la GCA, la arteritis de Takayasu (TAK, *Takayasu arteritis*), la vasculitis asociada a anticuerpos anticitoplasma de neutrófilos (AAV, *ANCA-associated vasculitis*) y la vasculitis asociada a IgA (IgAV, *IgAV vasculitis*), utilizando datos de ImmunoChip^{104,105}.

Sin embargo, estos estudios no incluían algunas de las principales formas de vasculitis y carecían de una cobertura genómica más amplia ofrecida por la estrategia GWAS en comparación con la plataforma ImmunoChip. Considerando esto, el propósito de este estudio fue evaluar de manera exhaustiva el solapamiento genético entre las vasculitis sistémicas mediante el análisis combinado de datos de GWAS

de las principales formas de vasculitis considerándolas como un único fenotipo, incluyendo GCA, TAK, IgAV, enfermedad de Kawasaki (KD), enfermedad de Behçet (BD) y los tres tipos de AAV, granulomatosis con poliangiítis (GPA, *granulomatosis with polyangiitis*), poliangiítis microscópica (MPA, *microscopic polyangiitis*) y granulomatosis eosinofílica con poliangiítis (EGPA, *eosinophilic granulomatosis with polyangiitis*).

Los resultados incluidos en este capítulo se publicaron en el artículo científico:

“Ortiz-Fernández L, Carmona EG, Kerick M, et al. Identification of new risk loci shared across systemic vasculitides points towards potential target genes for drug repurposing. Ann Rheum Dis. 2023;82(6):837-847.”

Material y métodos

Cohorte de estudio

En este estudio se incluyeron un total de 8.467 pacientes con vasculitis, entre ellos 2.134 con GCA, 1.091 con TAK, 405 con KD, 215 con IgAV, 3.197 con BD, 914 con AAV (incluyendo MPA y GPA; 268 positivos para ANCA anti-mieloperoxidasa (MPO) y 478 positivos para ANCA anti-proteinasa 3 (PR3)), 159 con EGPA ANCA-positiva y 352 con EGPA ANCA-negativa, además de 29.795 individuos sanos. Se analizó una población mixta, principalmente de ascendencia europea (77,8%), pero también turca (15,8%), asiática (5,8%) y de Oriente Medio (0,64%). Todos los conjuntos de datos analizados proceden de GWAS previamente publicados^{94,106,121–123}, excepto en el caso de la BD. Para esta vasculitis se incluyeron dos conjuntos caso/control, uno procedente de un GWAS anterior (al que denominaremos BD_{GWAS}), que fue obtenido a través del repositorio público dbGAP (número de acceso: phs000272.v1.p1)¹²⁴, y otro procedente de un ImmunoChip reciente (al que denominaremos BD_{lchip})¹²⁵. Dado que todos los pacientes de BD incluidos en el GWAS también formaban parte del estudio ImmunoChip, seleccionamos sólo aquellos SNPs del GWAS que no estaban incluidos en el ImmunoChip. Esto nos permitió analizar un mayor número de SNPs pero evitando el solapamiento entre los casos de BD. En la Tabla 3 se proporciona un resumen de las cohortes incluidas en el estudio.

Este estudio fue aprobado por el Comité de Ética del CSIC, el Comité de Ética de Investigación de la Provincia de Granada (CEIM/CEI) y los comités de ética de cada centro participante. Además, se obtuvo el consentimiento informado por escrito de cada paciente de acuerdo con los principios de la Declaración de Helsinki.

Tabla 3. Desglose de las cohortes incluidas en el meta-análisis de las principales vasculitis sistémicas.

Vasculitis	Cohortes	SNPs analizados	Total N (casos/controles)
GCA ⁹⁴	Alemania, España, Estados Unidos, Francia, Holanda, Irlanda, Italia, Noruega, Reino Unido y Suiza	3.416.852	2.134 / 9.125
TAK ¹²³	China, Estados Unidos, Italia, Reino Unido, Sur de Asia y Turquía	4.836.916	1.091 / 5.130
KD ¹⁰⁶	Australia, Estados Unidos, Holanda, y Reino Unido	7.263.566	405 / 6.252
IgAV ¹⁰⁶	España	5.839.621	215 / 1.322
BD _{GWAS} ¹²⁴	Turquía	3.673.998	1.206 / 1.271
BD _{lchip} ¹²⁵	Corea, España, Italia, Japón, Túnez y Turquía	1.334.778	3.197 / 5.785
MPA+GPA ¹²²	Reino Unido	7.379.749	914 / 5.259
EGPA ¹²¹	Alemania, España, Francia, Irlanda, Italia, Polonia, Reino Unido, República Checa y Suecia	8.550.593	511 / 6.688

GCA: Arteritis de células gigantes; TAK: Arteritis de Takayasu; KD: Enfermedad de Kawasaki; IgAV; Vasculitis asociada a IgA; BD: Enfermedad de Behçet; MPA: Poliangeítis microscópica; GPA: Granulomatosis con poliangeítis ;EGPA: Granulomatosis eosinofílica con poliangeítis; SNP, polimorfismo de un solo nucleótido.

Control de calidad e imputación de las cohortes de GCA, BD_{GWAS} y AAV

Para varias de las vasculitis analizadas, incluyendo TAK, KD, IgAV, BD_{lchip} y EGPA, el meta-análisis entre enfermedades se realizó utilizando los resultados estadísticos de los estudios anteriores^{106,121,123,125}. Sin embargo, en el caso de GCA, AAV y BD, los

datos incluidos en los GWAS anteriores^{94,122,124} no habían sido imputados o se imputaron con paneles de referencia reducidos y, por lo tanto, se decidió imputar nuevamente los datos genotípicos utilizando un panel de referencia más extenso para aumentar el número de SNPs a analizar. La Figura 6 muestra un resumen de los pasos seguidos para el análisis de las distintas cohortes incluidas en este estudio.

En primer lugar, se aplicaron los pertinentes controles de calidad a las 10 cohortes de GCA incluidas y a la cohorte de BD_{GWAS} . Los datos genómicos se filtraron antes de la imputación utilizando el software PLINK V.1.9 (www.cog-genomics.org/plink/1.9/)¹²⁶. Concretamente, se eliminaron los SNPs con frecuencia alélica menor al 1%, tasa de genotipado baja (<98%) y aquellos que se desviaban del equilibrio de Hardy-Weinberg ($p < 0.001$). Además, se descartaron duplicados y parientes de primer grado, así como individuos con tasas de genotipado <95%. Por último, los cromosomas sexuales se eliminaron de los análisis posteriores.

Una vez realizado el control de calidad, se llevó a cabo la imputación de genotipos en los datos de GCA y BD_{GWAS} utilizando el Michigan Imputation Server V.1.0.3¹²⁷ y el TOPMed Imputation Server (<https://imputation.biodatacatalyst.nhlbi.nih.gov/>), con los paneles de referencia HRC (HRC V.r1.1 2016) y TOPMed Imputation, respectivamente. Se aplicó un umbral de probabilidad para combinar genotipos de $r^2 = 0.9$. Después de la imputación, se realizó un análisis de componentes principales (PC, *principal component*) con PLINK 1.9 y el software GCTA64 (Genome-Wide Complex Trait Analysis)¹²⁸. Para ello, se seleccionaron alrededor de 100.000 SNPs independientes y se utilizaron para calcular los primeros diez PC por individuo. Los individuos que mostraban más de 4 desviaciones estándar del centroide del grupo se excluyeron considerándolos como valores atípicos.

En el caso de la cohorte de AAV, los datos filtrados procedentes del GWAS previamente publicado fueron imputados utilizando Minimac3 en el Michigan Imputation Server V.1.0.3 (HRC V.r1.1 2016). Después de la imputación, se eliminaron del conjunto de datos los SNPs con MAF <0.01 o $r^2 < 0.3$ utilizando BCFtools V.1.2.

La tabla anexo 2 muestra el número total de SNPs e individuos de las cohortes de GCA, BD_{GWAS} y AAV que se incluyeron finalmente en el análisis, tras el control de calidad.

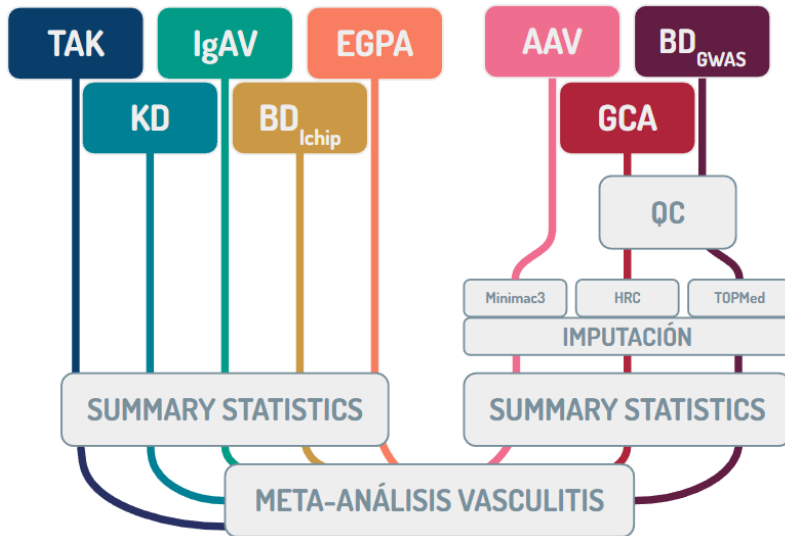


Figura 6. Flujo de trabajo aplicado a los distintos conjuntos de datos incluidos en el “cross-disease” meta-análisis.

Análisis estadístico de las cohortes de GCA, BD_{GWAS} y AAV

En primer lugar, realizamos el análisis de asociación de cada una de las cohortes de GCA, BD_{GWAS} y AAV de manera individual. En el caso de GCA y BD_{GWAS}, se analizó cada cohorte mediante regresión logística, incluyendo los primeros 10 PCs como covariables en PLINK 1.9, mientras que los datos de AAV se analizaron mediante un modelo mixto lineal con el software BOLT-LMM V.2.3.2¹²⁹. Posteriormente, para

GCA, para la cual se disponía de 10 cohortes caso/control independientes, combinamos las diferentes cohortes utilizando un meta-análisis ponderado por la varianza inversa en METASOFT¹³⁰.

Análisis combinado de enfermedades

Para identificar aquellos SNPs que mostraban asociaciones compartidas entre al menos dos de las vasculitis analizadas, combinamos los resultados estadísticos de los ocho fenotipos de vasculitis incluidos en el estudio. Para este propósito, utilizamos ASSET¹³¹, una herramienta que permite realizar un meta-análisis basado en subconjuntos, identificando el subconjunto de enfermedades que más contribuye a la señal de asociación general. Específicamente, ASSET explora todos los subconjuntos posibles de fenotipos para identificar la señal de asociación más fuerte y luego evalúa la significación de la señal corrigiendo por tests múltiples dependiendo del subconjunto específico. En este análisis se incluyeron todos los SNPs presentes en al menos dos de los resultados estadísticos. Dada la complejidad de la región HLA y que las asociaciones dentro de este locus con las diferentes formas de vasculitis están bien establecidas, esta región (Chr6: 20-40MB) se excluyó del análisis posterior. Tras el meta-análisis entre enfermedades, consideramos significativos aquellos SNPs que mostraban valores de p menores a $5E-08$ y, de estos, nos centramos solo en las señales para las cuales más de una enfermedad contribuía a la asociación. En el caso de los SNPs para los cuales se encontraron efectos opuestos entre enfermedades, se consideraron significativos cuando, tanto los subconjuntos asociados positivamente (riesgo) como los asociados negativamente (protección), mostraron valores de p menores a 0,05. Cuando varios SNPs fueron estadísticamente significativos dentro de los mismos loci, se

consideraron como “*lead SNPs*” aquellos en los que el mejor subconjunto incluía el mayor número de fenotipos. Además, para cada *locus* pleiotrópico, se consideraron como independientes las señales que alcanzaron significación genómica y mostraron $r^2 < 0,1$.

Por otro lado, teniendo en cuenta que los pacientes con AAV positivos para MPO y PR3 pueden considerarse como dos entidades genéticamente diferentes, también se realizó un meta-análisis con ASSET que incluía ambos subgrupos de AAV como dos fenotipos independientes.

Anotación funcional de las variantes genéticas y priorización de genes

Para identificar los posibles genes diana de las variantes pleiotrópicas identificadas, utilizamos la función SNP2GENE de FUMA GWAS (*Functional Mapping and Annotation of GWAS*)¹³². Para ello, se realizó la anotación funcional específica de tejido tanto de los “*lead SNPs*” independientes como de sus *proxies* ($r^2 > 0,6$) para priorizar los posibles genes causales. Concretamente, FUMA correlaciona los SNPs con genes en base a tres estrategias: mapeo posicional, que prioriza los genes localizados más cerca de los SNPs de interés, mapeo de *loci* de rasgos cuantitativos de expresión (eQTL, *expression quantitative trait loci*), que prioriza los genes cuyos niveles de expresión son afectados por los SNPs de interés, y mapeo de interacciones de la cromatina, que prioriza los genes localizados en regiones de cromatina que interaccionan con los SNPs de interés. Además, utilizando datos epigenómicos del “*Roadmap Epigenomic Project*”, también se anotaron los *enhancers* y promotores en regiones significativas de interacción. Finalmente, también evaluamos el solapamiento entre las señales asociadas con los datos de eQTLs obtenidos del proyecto GTEx(V.8). Para la anotación funcional, nos centramos exclusivamente en tejidos

relevantes en las vasculitis (sangre completa, células inmunológicas y tejido arterial).

Análisis de enriquecimiento de elementos reguladores

A continuación, exploramos si el conjunto de variantes genéticas compartidas entre las vasculitis colocalizaba con elementos reguladores específicos de tejido extraídos del proyecto “*Roadmap Epigenomics*” utilizando el software GARFIELD (*GWAS analysis of regulatory or functional information enrichment with linkage disequilibrium (LD) correction*)¹³³. Específicamente, como elementos reguladores, seleccionamos nueve marcas de histonas (H2BK20ac, H3K27ac, H3K4me1, H3K4me2, H3K4me3, H3K9ac, H3K4ac, H3K79me1, H2BK15ac) relacionadas con promotores activos, *enhancers* y genes activos (o al menos accesibles). En resumen, GARFIELD cuantifica el enriquecimiento de la anotación funcional para los SNPs asociados considerando varios umbrales de significación ($p \leq 1E-08$, $p \leq 1E-07$, $p \leq 1E-06$, $p \leq 1E-05$), teniendo en cuenta el desequilibrio de ligamiento, la frecuencia del alelo minoritario y la distancia al sitio de inicio de la transcripción más cercano. Del amplio catálogo de tejidos y tipos celulares incluidos en el proyecto “*Roadmap Epigenomics*”, nos centramos en las células inmunológicas. Para el ajuste por test múltiples, utilizamos el código de R *Garfield-Meff-Adj* proporcionado por GARFIELD, para calcular un umbral de valor de p de enriquecimiento ($p \leq 6,12E-04$) ajustado por el número efectivo de anotaciones ($M_{eff} = 81.66$).

Análisis de reutilización de fármacos

Finalmente, utilizamos la base de datos DrugBank (V.5.0)¹³⁴ para explorar si las proteínas codificadas por los genes priorizados son diana

de fármacos ya aprobados, en ensayos clínicos o experimentales. Para seleccionar los fármacos potencialmente más prometedores para las vasculitis, nos centramos en el mecanismo de acción de los diferentes fármacos según lo dispuesto en DrugBank y también realizamos una búsqueda manual en la literatura a través de Pubmed y ClinicalTrials.gov.

A continuación, para calcular si los genes priorizados obtenidos mediante la anotación funcional estaban significativamente enriquecidos en dianas de fármacos indicados para enfermedades autoinmunes, aplicamos la prueba exacta de Fisher. Para este análisis, utilizamos los productos de los genes priorizados previamente que no estuvieran relacionados con ninguna de las enfermedades analizadas, dianas farmacológicas indicadas para enfermedades autoinmunes y genes codificantes que fueran dianas potenciales de fármacos(Anexo 3).

Resultados

Análisis combinado de enfermedades

En este análisis se incluyeron los resultados estadísticos de un total de 8.467 pacientes diagnosticados con alguno de los 8 tipos de vasculitis comprendidos en el estudio actual, junto con 29.795 individuos sanos.

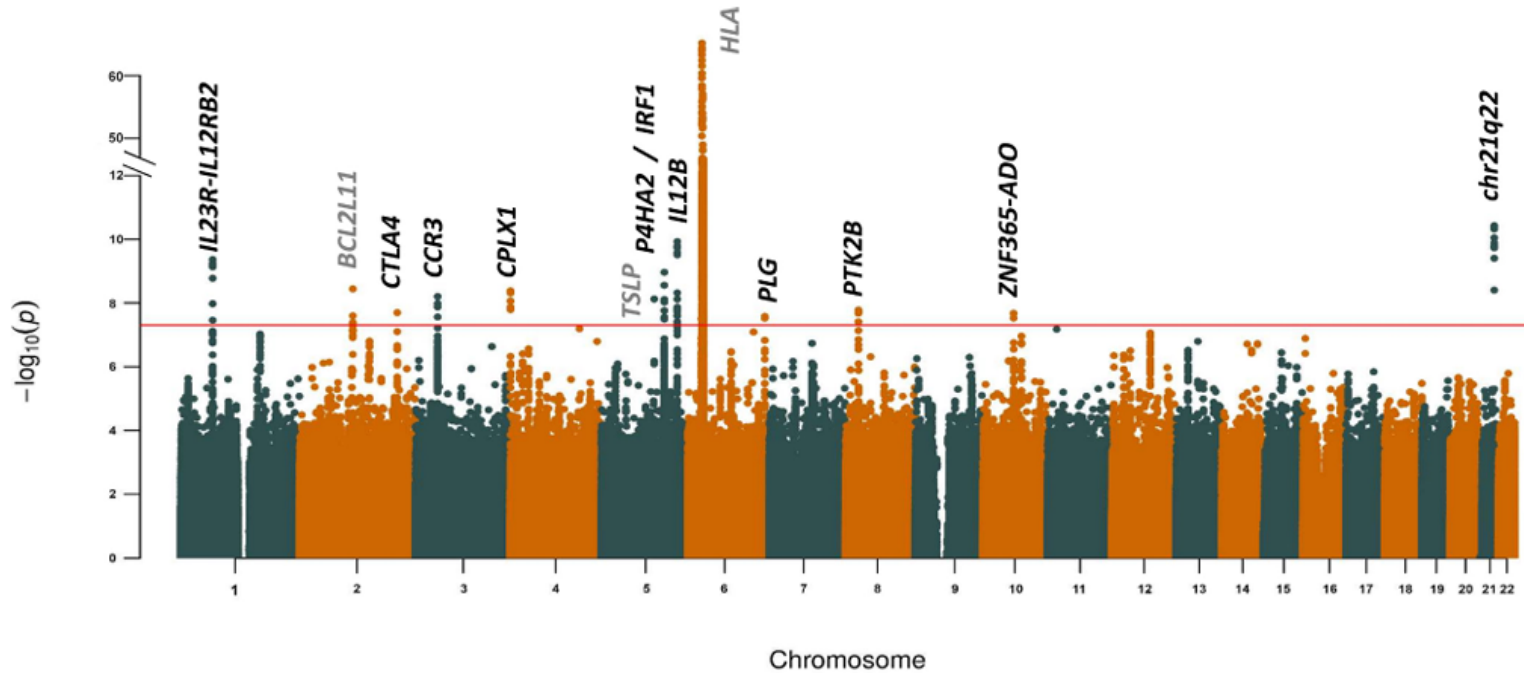


Figura 7. “Manhattan plot” que muestra los resultados del “cross-phenotype” meta-análisis. Se representa el $-\log_{10}$ del valor de p (y) y la posición cromosómica física (x). La línea roja representa el nivel de significación establecido para los GWAS ($p < 5E-08$). Los loci que alcanzan el umbral de significación están anotados en el gráfico. Los loci que representan nuevos factores de riesgo compartidos en vasculitis se destacan en **negrita**.

Tras el meta-análisis de las distintas enfermedades y excluyendo la región HLA, 85 variantes genéticas, localizadas en 12 regiones genómicas, estaban asociadas con dos o más vasculitis a nivel de significación genómica (Figura 7). Basándonos en el desequilibrio de ligamiento, 14 variantes genéticas dentro de estos *loci* estaban asociadas de manera independiente (Material suplementario 2 tabla 1). De manera interesante, 12 de estos SNPs representaban nuevas asociaciones para algunas de las vasculitis incluidas en el mejor subconjunto (Tabla 4 y Material suplementario 2 tabla 1), nueve de ellos con efectos similares en todas las enfermedades que contribuyeron a la señal de asociación y tres mostrando efectos opuestos entre enfermedades (Figura 8).

Tabla 4. Variantes genéticas independientes que alcanzaron el nivel de significación genómico en el “cross-phenotype” meta-análisis y que representan nuevos loci de riesgo compartidos entre las vasculitis.

Región	Posición	SNP	Gen	A1	Pvalor	Subconjunto de enfermedades	OR (95% IC)
1p31.3	67751193	rs11209039	IL23R/IL12RB2	G	6,45E-10	BD EGPA+ KD	0,81 (0,76 - 0,87)
2q33.2	204689376	rs62184865	CTLA4	T	2,00E-08	AAV EGPA+	0,58 (0,48 - 0,70)
3p21.31	46208310	rs2087726	CCR3	G	1,04E-08	BD IgAV	0,81 (0,75 - 0,87)
4p16.2	824988	rs4690319	CPLX1	A	4,72E-09	BD TAK	0,82 (0,77 - 0,88)
5q31.1	131540875	rs128738	P4HA2	T	2,78E-09	EGPA- GCA	1,32 (1,20 - 1,44)
5q31.1	131797547	rs6894249	IRF1	G	7,81E-09	EGPA+ EGPA- BD KD TAK	1,40 (1,21-1,61) 0,85 (0,83 - 0,94)
5q33.3	158777001	rs7725339	IL12B	T	1,84E-10	BD EGPA+ TAK	1,24 (1,15 - 1,32)
5q33.3	158834367	rs60689680	IL12B ^s	T	4,62E-08	IgAV TAK EGPA-	1,32 (1,19 - 1,45) 0,80 (0,69 - 0,95)
6q26	161143608	rs4252120	PLG	C	2,65E-08	EGPA- GCA	1,28 (1,17 - 1,39)
8p21.2	27219987	rs73223431	PTK2B	T	1,66E-08	EGPA+ TAK	0,73 (0,66 - 0,82)
10q21.2	64396042	rs10995248	ZNF365/ADO	T	2,10E-08	AAV BD EGPA+ GCA IgAV	1,16 (1,08 - 1,24) 0,84 (0,77 - 0,91)
21q22.2	40465178	rs2242944	chr21q22	A	1,30E-10	EGPA- TAK	0,75 (0,68 - 0,82)

Las enfermedades incluidas en el mejor subconjunto y para las cuales no se habían reportado asociaciones previamente en esas regiones se muestran en **negrita**; A1, alelo alternativo utilizado en la regresión logística; BD, enfermedad de Behçet; EGPA+, granulomatosis eosinofílica con poliangeítis ANCA-positiva; EGPA-, granulomatosis eosinofílica con poliangeítis ANCA-negativa; KD, enfermedad de Kawasaki; AAV, vasculitis asociada a ANCA; IgAV, vasculitis IgA; TAK, arteritis de Takayasu; GCA, arteritis de células gigantes.

Es importante destacar que dos de estos SNPs, rs4690319 y rs62184865, anotados por proximidad a *CPLX1* y *CTLA4*, respectivamente, no habían sido previamente asociados a nivel de significación genómica con ninguna vasculitis hasta el momento, lo que los convierte en nuevos *loci* de susceptibilidad. Además, las 10 señales restantes habían sido previamente asociadas solo con una de las enfermedades incluidas en el mejor subconjunto y, por lo tanto, pueden considerarse como nuevos *loci* de riesgo compartidos en vasculitis.

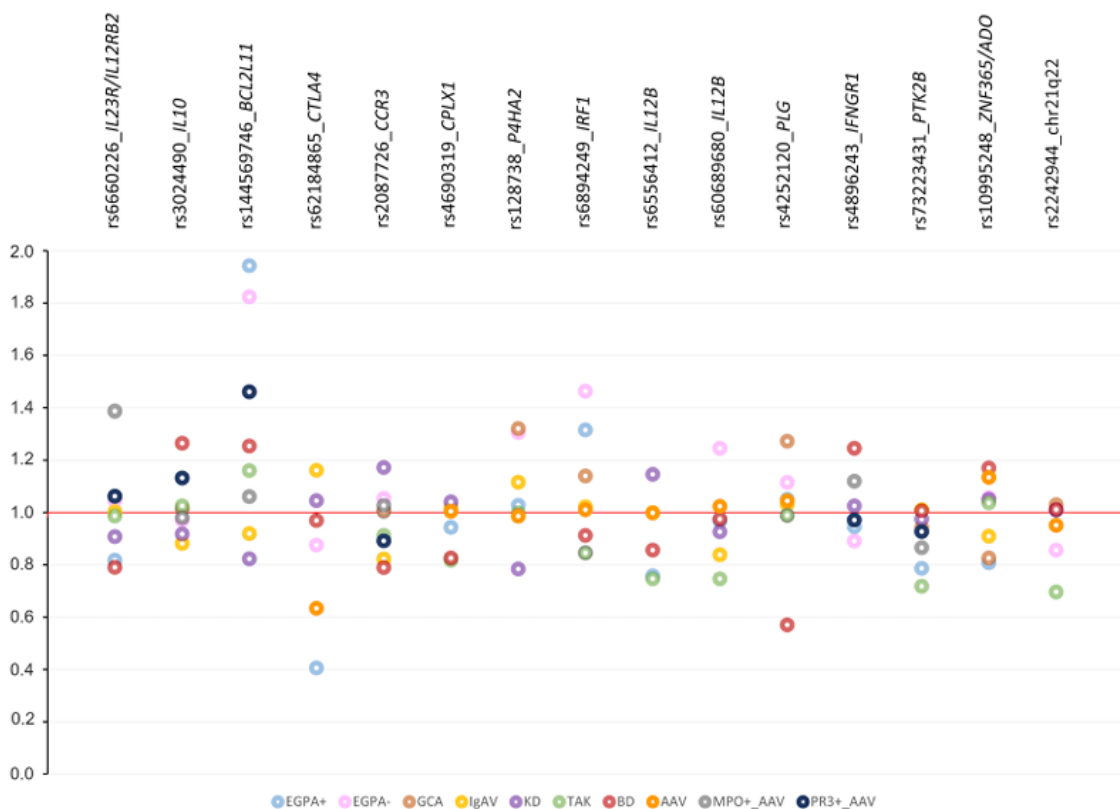


Figura 8. Nuevos loci de riesgo compartidos entre las vasculitis analizadas. Se muestra el efecto (OR) de las variantes genéticas independientes que alcanzaron significación a nivel genómico en el meta-análisis combinado. El color de los círculos representa los fenotipos de vasculitis analizadas.

Nuestro análisis también identificó dos señales independientes dentro de la región *IL12B*, un *locus* de susceptibilidad conocido para TAK. Por un lado, tres enfermedades, BD, EGPA ANCA-positiva y TAK, contribuyeron a la asociación observada para la variante genética rs7725339, que está en desequilibrio de ligamiento completo con el SNP previamente asociado a TAK ($r^2=1$). Por otro lado, el SNP rs60689680, que no está ligado a la variante previamente asociada a TAK ($r^2=0,007$), también emergió como un *locus* de susceptibilidad común dentro de la región de *IL12B*. Cabe destacar que este último SNP mostró efectos opuestos entre las enfermedades que contribuían a su asociación, con un efecto de riesgo en TAK e IgAV y un efecto protector en EGPA ANCA-negativa. Además, se identificaron dos señales independientes ($r^2=0,05$) dentro de la región 5q31.1. La primera (rs128738), previamente asociada con GCA y anotada al gen *P4HA2*, también se asoció con EGPA ANCA-negativa. La segunda (rs6894249), previamente asociada con EGPA ANCA-negativa y anotada a *IRF1*, parece ser un *locus* de riesgo común para un gran número de vasculitis, pero con efectos opuestos entre ellas, ya que confería riesgo para EGPA ANCA-positiva y ANCA-negativa y protección para BD, KD y TAK. Finalmente, la señal ubicada en la región 10q21.2 también mostró efectos opuestos. Este *locus*, previamente asociado con BD, confería riesgo para BD y AAV y protección para EGPA ANCA-positiva, GCA e IgAV.

Por otro lado, mientras que la AAV (considerando a los pacientes con MPA y GPA en su conjunto) contribuía solo a dos de las asociaciones compartidas identificadas (Tabla 4), el meta-análisis considerando a la AAV MPO-positiva y a la AAV PR3-positiva como fenotipos independientes permitió identificar una contribución específica de estos subgrupos a tres de las señales comunes identificadas (Tabla 5

y Material suplementario 2 tabla 2). Concretamente, la AAV MPO-positiva estaba involucrada en las asociaciones observadas dentro de los loci 1p31.1 y 8p21.2, mientras que la AAV PR3-positiva contribuía a la asociación compartida identificada en 3p21.31. Además, este análisis también reveló tres nuevos *loci* pleiotrópicos en vasculitis, 1q32.1 y 6q23.3, previamente asociados con BD y anotados como *IL10* e *IFNGR1*, para los cuales la AAV PR3-positiva y la AAV MPO-positiva, respectivamente, también contribuían a la asociación, y 2q13, previamente asociado con EGPA y anotado como *BCL2L11*, para el cual la AAV PR3-positiva también formaba parte del mejor subconjunto (Tabla 5, Material suplementario 2 tabla 2 y Figura 8).

Tabla 5. Asociaciones compartidas entre vasculitis considerando la presencia de autoanticuerpos específicos MPO y PR3 en pacientes con vasculitis asociada a ANCA.

Región	Posición	SNP	Gen	A1	Pvalor	Subconjunto de enfermedades	OR (95% IC)
1p31.3	67744601	rs6660226	IL23R/IL12RB2	A	6,78E-11	MPO+_AAV BD EGPA+ KD	1,39 (1,10 - 1,75) 0,79 (0,74 - 0,85)
1q32.1	206945311	rs3024490	IL10†	A	1,49E-08	PR3+_AAV BD	1,24 (1,15 - 1,34)
2q13	111905867	2:111905867	BCL2L11†	T	1,11E-08	PR3+_AAV EGPA+ EGPA-	1,68 (1,40 - 2,00)
3p21.31	46208310	rs2087726	CCR3	G	4,94E-09	PR3+_AAV BD IgAV	0,82 (0,77- 0,88)
6q23.3	137514790	rs4896243	IFNGR1†	C	1,59E-08	MPO+_AAV BD	1,23 (1,15 - 1,32)
8p21.2	27219987	rs73223431	PTK2B	T	3,23E-08	MPO+_AAV EGPA+ TAK	0,76 (0,69 - 0,84)

† Nuevas asociaciones compartidas identificadas en el meta-análisis considerando AAV MPO+ y PR3+ como fenotipos independientes. Las enfermedades incluidas en el mejor subconjunto y para las cuales no se han reportado previamente asociaciones en esas regiones se muestran en negrita. A1, alelo alternativo utilizado en la regresión logística; BD, enfermedad de Behçet; EGPA+, granulomatosis eosinofílica con poliangeítis ANCA-positiva; EGPA-, granulomatosis eosinofílica con poliangeítis ANCA-negativa; KD, enfermedad de Kawasaki; AAV, vasculitis asociada a ANCA; IgAV, vasculitis IgA; TAK, arteritis de Takayasu.

Análisis funcional de las variantes pleiotrópicas

La anotación mediante FUMA de las variantes genéticas compartidas mostró que ninguno de los “*lead SNPs*” era codificante, mientras que cinco de sus *proxies* ($r^2 \geq 0,6$) eran exónicos, incluyendo tres variantes no sinónimas anotadas en *BCL2L11*, *IL3* y *PLG*, y dos variantes sinónimas anotadas a *PLG*. De las variantes que suponían un cambio de sentido, solo el SNP en *BCL2L11* se identificó como posiblemente perjudicial según las puntuaciones SIFT y Polyphen (Anexo 4).

Dado que todos los “*lead SNPs*”, y la mayoría de sus *proxies*, se encontraban en regiones no codificantes, llevamos a cabo su anotación funcional utilizando FUMA para determinar el solapamiento con elementos reguladores funcionales, así como para priorizar sus genes diana más probables. Es importante destacar que todos, excepto uno, de los SNPs compartidos entre vasculitis solapaban con regiones reguladoras en células inmunológicas, sangre completa y/o tejido arterial y un 69% de los SNPs solapaba con al menos tres anotaciones funcionales (Figura 9). Además, 14 de los 16 SNPs compartidos, o sus *proxies*, parecían actuar como *eQTLs*, afectando a los niveles de expresión génica (Figura 9 y Material suplementario 2 tabla 3). Basándose en esta anotación, FUMA priorizó 182 genes, de los cuales 159 son codificantes, como posibles genes causales en vasculitis (Anexo 5).

Gene_Lead SNP	P	E	eQTL	CI
IL23R - IL12RB2_rs11209039			Verde	Amarillo
IL10_rs3024490	Azul	Naranja	Verde	Amarillo
BCL2L11_rs72836352	Azul		Verde	Amarillo
CTLA4_rs62184865		Naranja	Verde	
CCR3_rs2087726		Naranja	Verde	Amarillo
CPLX1_rs4690319			Verde	
TSLP_rs1837253				
P4HA2_rs128738		Naranja	Verde	Amarillo
IRF1_rs6894249	Azul	Naranja	Verde	Amarillo
IL12B_rs7725339		Naranja	Verde	Amarillo
IL12B_rs60689680		Naranja	Verde	Amarillo
PLG_rs4252120		Naranja		Amarillo
IFNGR1_rs4896242		Naranja		Amarillo
PTK2B_rs73223431	Azul	Naranja	Verde	Amarillo
ZNF365 - ADO_rs10995248		Naranja	Verde	Amarillo
Chr21q22_rs2242944		Naranja	Verde	Amarillo

Figura 9. Anotación funcional de las variantes pleiotrópicas identificadas. Los colores indican los conjuntos de “lead” y/o “proxy” SNPs que solapan con los diferentes elementos reguladores analizados. CI (amarillo), interacciones de cromatina; E (naranja), enhancers; P (azul), promotores; eQTL (verde), loci de rasgo cuantitativo de expresión.

Enriquecimiento de elementos reguladores

Dado que la mayoría de las variantes genéticas compartidas solapaban con regiones reguladoras, decidimos aplicar GARFIELD para determinar si el conjunto de polimorfismos pleiotrópicos estaba enriquecido en modificaciones de histonas específicas de tejido. Detectamos un total de 60 enriquecimientos significativos ($p \leq 6,12E-04$) en todos los tipos de células inmunológicas analizadas (Figura 10). Los enriquecimientos más significativos se encontraron para H2BK15ac (que mapea genes accesibles), en células NK ($p=1,07E-07$) y monocitos ($p=9,37E-07$); H2BK20ac (que mapea regiones de *enhancers*), en monocitos ($p=1,46E-07$), células B ($p=7,98E-07$) y células T CD4+ ($p=2,72E-06$); y H3K4ac (que mapea regiones promotoras), en células B ($p=1,55E-06$) y células T CD4+ ($p=2,11E-06$). Se encontró un enriquecimiento en estos tipos celulares para al menos cinco de las nueve marcas de histonas analizadas.

Cuando se realizó el análisis de enriquecimiento basado en los resultados del meta-análisis considerando a la AAV MPO-positiva y a la AAV PR3-positiva como fenotipos independientes se obtuvieron resultados similares (Anexo 6).

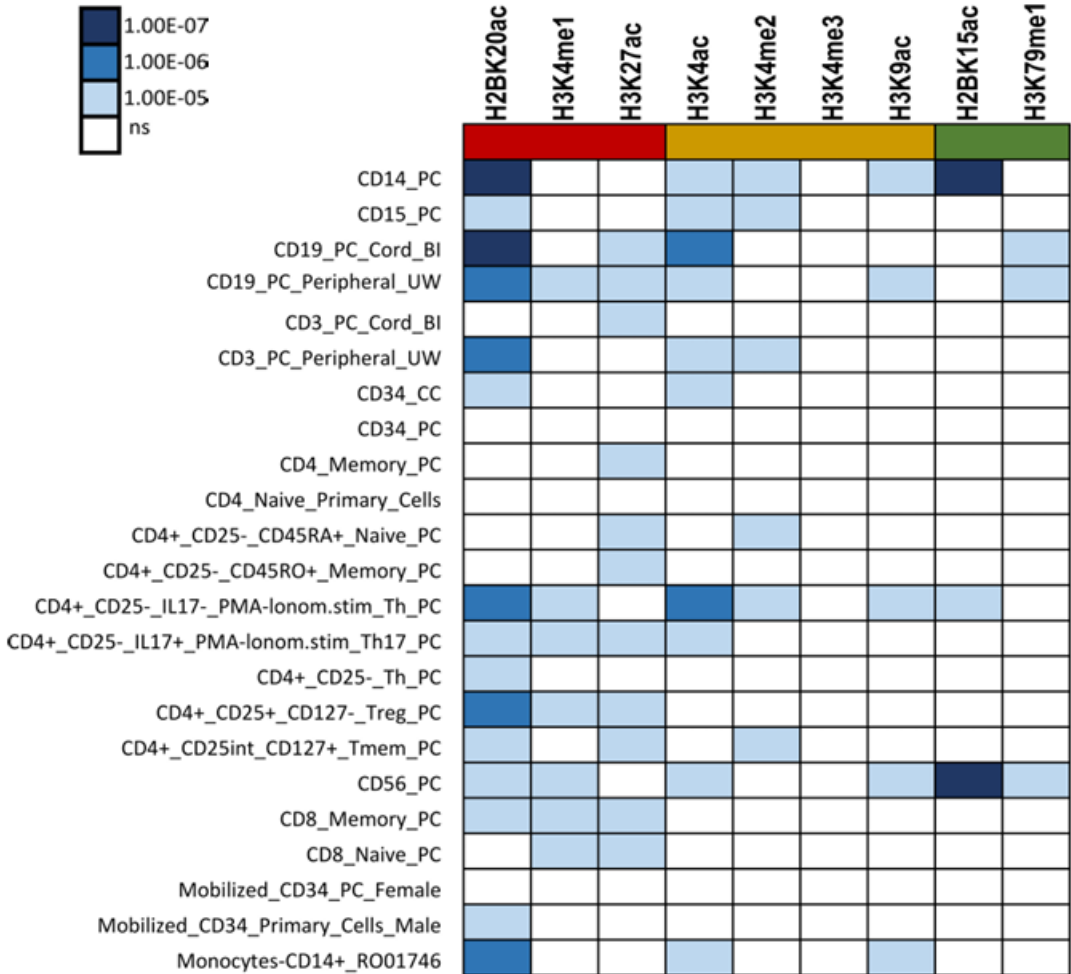


Figura 10. Resultados del análisis de enriquecimiento de marcas de histonas del conjunto de variantes pleiotrópicas. La primera columna muestra los tipos celulares analizados. Las columnas restantes denotan las modificaciones de histonas analizadas, incluyendo marcas de histonas asociadas con enhancers (color rojo), promotores (color naranja) y genes accesibles (color verde). Los resultados del análisis de enriquecimiento se representan en un gradiente de color basado en el valor de *p*.

Candidatos para reposicionamiento de fármacos en vasculitis

Por último, realizamos un análisis de reposicionamiento de fármacos con el objetivo de identificar nuevas terapias potenciales para las vasculitis analizadas. Las proteínas codificadas por 33 de los 159 genes codificantes priorizados eran diana tanto de medicamentos farmacológicamente activos indicados para cualquier enfermedad, como de fármacos con mecanismos de acción desconocidos pero actualmente indicados para enfermedades mediadas por el sistema inmunológico. En total, identificamos 103 fármacos que podrían ser potencialmente reposicionados en las vasculitis (Material suplementario 2 tabla 4), 13 de los cuales están actualmente indicados para trastornos autoinmunes (Tabla 6).

Es importante destacar que el análisis de enriquecimiento de fármacos reveló que el conjunto de genes codificantes priorizados estaba significativamente enriquecido en dianas de fármacos farmacológicamente activos actualmente utilizados en el tratamiento de enfermedades autoinmunes (OR=2,19 (IC 95% 1,10-3,97); prueba exacta de Fisher $p=1,57E-02$) (Anexo 3).

Tabla 6. Fármacos indicados para trastornos mediados por el sistema inmunológico potencialmente repositionables en vasculitis sistémicas.

Región Genómica	Genes diana	Fármaco	Tipo	Indicación	Aplicación clínica potencial
2q33.2	<i>CTLA4</i>	Abatacept	Proteínas de fusión	RA, PsA, JIA	AAV EGPA+
3p21.31	<i>LTK</i>	Fostamatinib	Molécula pequeña	Chronic immune thrombocytopenia	BD IgAV
4p16.2	<i>GAK</i>	Fostamatinib	Molécula pequeña	Chronic immune thrombocytopenia	BD TAK
	<i>IDUA</i>	Chondroitin sulfate	Molécula pequeña	Primary osteoarthritis	
5q31.1	<i>C1QA/C1QB</i>	Daclizumab	AcM	MS	EGPA+ EGPA- BD KD TAK
	<i>CTSL</i>	Fostamatinib	Molécula pequeña	Chronic immune thrombocytopenia	
	<i>IL13</i>	Tralokinumab	AcM	Atopic dermatitis	
	<i>IL5</i>	Mepolizumab	AcM	EGPA, Asthma, Hypereosinophilic syndrome	
		Reslizumab	AcM	Asthma	
5q33.3	<i>IL12B</i>	Ustekinumab	AcM	Ps, PsA, CD, UC	BD EGPA+ TAK
		Tildrakizumab	AcM	Ps	
		Risankizumab	AcM	Ps, PsA, CD	
6q26	<i>MAP3K4</i>	Fostamatinib	Molécula pequeña	Chronic immune thrombocytopenia	EGPA- GCA
6q23.3	<i>TNFAIP3</i>	Mesalazine	Molécula pequeña	UC	MPO-AAV BD
		Sulfasalazine	Molécula pequeña	UC, RA	
8p21.2	<i>PTK2B</i>	Leflunomide	Molécula pequeña	RA	EGPA+ TAK
		Fostamatinib	Molécula pequeña	Chronic immune thrombocytopenia	

AcM, anticuerpo monoclonal; RA, artritis reumatoide; PsA, artritis psoriásica; JIA, artritis idiopática juvenil; MS, esclerosis múltiple; EGPA, granulomatosis eosinofílica con poliangeítis; Ps, psoriasis; PsA, artritis psoriásica; CD, enfermedad de Crohn; UC, colitis ulcerosa; AAV, vasculitis asociada a ANCA; GCA, arteritis de células gigantes; BD, enfermedad de Behçet; EGPA-, granulomatosis eosinofílica con poliangeítis ANCA-negativa; EGPA+, granulomatosis eosinofílica con poliangeítis ANCA-positiva; TAK, arteritis de Takayasu; IgAV, vasculitis IgA; KD, enfermedad de Kawasaki.

Discusión

En este estudio, realizamos un análisis exhaustivo del solapamiento genético entre las principales formas de vasculitis sistémica. Los resultados mejoran significativamente nuestro conocimiento sobre la arquitectura genética de estas patologías. En este sentido, identificamos 15 nuevos *loci* de riesgo compartidos, la mayoría de los cuales parecen afectar la enfermedad regulando los niveles de expresión génica, y priorizamos posibles genes causales en base a la anotación funcional de los polimorfismos pleiotrópicos. Aunque todos los *lead SNPs* pleiotrópicos, y la mayoría de sus *proxies*, se encontraban en regiones no codificantes, la anotación funcional también mostró algunas variantes no sinónimas, ubicadas en *BCL2L11* (2q13) y *PLG* (6q26), en desequilibrio de ligamiento casi completo con los polimorfismos más asociados en estas regiones. Dado su posible efecto directo en la función de las proteínas, estas podrían considerarse como las variantes causales más probables dentro de estos *loci*. Esto apoyaría el papel de *PLG*, involucrado en la remodelación vascular y la angiogénesis, y *BCL2L11*, que codifica un miembro de la familia *Bcl2* implicado en apoptosis y en la homeostasis inmunológica, como genes causales en las vasculitis asociadas a cada una de estas señales.

Además, esta estrategia nos permitió identificar dos *loci* compartidos que no habían sido previamente asociados con ninguna vasculitis a nivel de significación en todo el genoma. Para uno de estos *loci* (*lead SNP* rs62184865), la anotación funcional priorizó *CTLA4*, un *locus* de riesgo genético común en autoinmunidad involucrado en la regulación negativa de la activación de las células T, como el gen causal más probable. Específicamente, la AAV (incluyendo MPA y GPA) y la EGPA ANCA-positiva contribuían a esta señal de asociación en nuestro

meta-análisis. Esto está de acuerdo con los resultados de GWAS anteriores que sugieren un papel de *CTLA4* en la susceptibilidad a MPA y GPA^{122,135}. Sin embargo en estos estudios no se encontró una asociación consistente. Por lo tanto, nuestros hallazgos proporcionan por primera vez evidencia genómica de la asociación entre este locus y la AAV, sumando la EGPA ANCA-positiva a la lista de enfermedades en las que este *locus* juega un papel pleiotrópico.

En cuanto al otro *locus* asociado por primera vez a vasculitis (*lead SNP* rs4690319), específicamente a BD y TAK, se priorizaron 10 genes (*CPLX1*, *CRIPAK*, *DGKQ*, *GAK*, *IDUA*, *MFSD7*, *MYL5*, *PCGF3*, *TMEM175*, *UVSSA*) en base al solapamiento con eQTLs. Sin embargo, hasta la fecha, no se ha descrito un papel obvio de ninguno de estos genes en la respuesta inmunológica ni en ningún proceso relacionado directamente con la patogénesis de las vasculitis. Se necesitan, por tanto, estudios adicionales para comprender cómo este *locus* podría estar afectando la fisiopatología de las vasculitis asociadas. Cabe destacar que este *locus* no se ha asociado con ninguna enfermedad mediada por el sistema inmunológico hasta ahora, lo que sugiere un papel específico en la susceptibilidad a las vasculitis. Este también es el caso de las asociaciones en los *loci* *P4HA2*, *PLG*, *IL10* e *IFNGR1*, que se han descrito previamente en una sola enfermedad, los dos primeros en GCA⁹⁴ y los dos últimos en BD^{124,125}. Nuestros resultados ahora indican que estos factores de riesgo son comunes a la GCA y la EGPA ANCA-negativa, en el caso de *P4HA2* y *PLG*, a la BD y la AAV PR3-positiva, en el caso de *IL10*, y a la BD y la AAV MPO-positiva, en el caso de *IFNGR1*. Es interesante destacar que la variante del gen *P4HA2* también se ha asociado con el recuento de eosinófilos¹³⁶, un tipo de célula crucial en la fisiopatología de la EGPA, lo que explicaría su papel en la susceptibilidad a esta vasculitis.

Además de estas asociaciones, también se identificaron dos señales independientes en el *locus* 5q33.3. Una de ellas (*lead* SNP rs7725339), previamente asociada con TAK y anotada al gen *IL12B*¹²³, estaría también asociada con la BD y la EGPA ANCA-positiva según nuestros resultados. La otra asociación en 5q33 (*lead* SNP rs60689680) representa una nueva señal en vasculitis y parece conferir riesgo a la TAK y la IgAV y protección a la EGPA ANCA-negativa. Sorprendentemente, la anotación funcional de ambas señales apuntaba al mismo gen, *RNF145*, que codifica una E3 ubiquitin ligasa, como el gen causal más probable. Recientemente se ha demostrado que este gen activa la vía de señalización de NF-κB (*nuclear factor κB*) y promueve la transcripción de IL-8, un factor quimiotáctico que atrae neutrófilos al sitio de inflamación y que está involucrado en angiogénesis¹³⁷. Cabe destacar que en todas las vasculitis que contribuyen a estas dos señales de asociación, EGPA¹³⁸, IgAV¹³⁹, TAK¹⁴⁰ y BD¹⁴¹ se han descrito niveles elevados de esta quimioquina. Sin embargo, la priorización basada en el mapeo posicional también priorizó *IL12B* como el gen diana de la señal originalmente asociada con TAK. Este gen codifica la subunidad p40 común a IL-12 e IL-23, dos citoquinas cruciales en las respuestas Th1 y Th17, respectivamente. Por lo tanto, dado el papel relevante de este gen en la inflamación y la utilidad comprobada de la priorización basada en la proximidad física¹⁴², es posible que esta variante influya en las vasculitis al afectar tanto a *RNF145* como a *IL12B*.

Por otro lado, nueve de los *loci* compartidos identificados en nuestro estudio se habían asociados previamente con una sola vasculitis, representando, por tanto, nuevas asociaciones compartidas. Aunque para varios de estos *loci* pleiotrópicos se priorizaron múltiples genes, cinco de estos *loci*, 5q31.1, 6q23.3, 8p21.2, 10q21.2 y 21q22.2,

mostraron una evidencia más fuerte de causalidad para dos o menos genes. Estos genes altamente probables para ser causales incluían *IL5*, *IRF1*, *IFNGR1*, *PTK2B*, *TRIM35*, *ADO*, *EGR2* y *ETS2*. Tanto *IL5* como *IRF1* estaban relacionados con la señal de asociación en 5q31.1 (*lead* SNP rs6894249), que confería riesgo a EGPA ANCA-positiva y EGPA ANCA-negativa y protección a BD, KD y TAK. Cabe destacar que *IL5* codifica una citocina Th2 involucrada en la regulación del crecimiento, la activación, el reclutamiento y la supervivencia de los eosinófilos¹⁴³, un tipo celular fundamental en la patogénesis de la EGPA, mientras que *IRF1* codifica un factor de transcripción que promueve la transcripción de genes involucrados en las respuestas inmunológicas innatas y adquiridas¹⁴⁴. Teniendo esto en cuenta, el efecto opuesto observado para esta señal en las vasculitis podría deberse a las diferentes consecuencias biológicas de la variante genética compartida en diferentes tipos de células. De hecho, el *lead* SNP (rs6894249) afecta a los niveles de expresión de *IL5* en células Th1/17 mientras que en monocitos afecta a los niveles de *IRF1* (Material suplementario 2 tabla 3). Por lo tanto, se podría hipotetizar que esta señal influye en la patogénesis de la EGPA al regular *IL5* en un tipo celular, pero afecta a BD, KD y TAK al regular *IRF1* en otro.

Junto con el locus 5q31.1, también se encontró que 10q21.2 estaba asociado con múltiples vasculitis, incluida la asociación previamente conocida con BD¹²⁵, pero también con AAV, a la cual confiere riesgo, y con GCA, IgAV y EGPA ANCA-positiva, en las cuales tiene un efecto protector. Este *locus* también se asignó a dos genes diferentes, *ADO*, que codifica una diogenasa involucrada en el metabolismo de aminoácidos, y *EGR2*, que desempeña un papel crucial en la regulación de la inflamación en diferentes tipos de células y ha sido involucrado en autoinmunidad¹⁴⁵⁻¹⁴⁷. Cabe destacar que un estudio

reciente ha descrito un papel de *EGR2* en la frecuencia y función disminuidas de las células reguladoras tipo 1 (Tr1) detectadas en la IgAV, una de las vasculitis que contribuyen a esta asociación¹⁴⁸. Por lo tanto, *EGR2* parece ser un candidato más plausible para estar involucrado en la patogénesis de las vasculitis asociadas. En cuanto al locus 8p21.2, asociado previamente a EGPA ANCA-positiva y ahora compartido con TAK, se priorizaron dos genes con un papel en la respuesta inmunológica, *PTK2B* y *TRIM35*. La proteína codificada por *PTK2B* está involucrada en promover la adhesión y migración de las células T y B^{149,150}, mientras que *TRIM35* desempeña un papel en la respuesta inmunológica innata¹⁵¹.

La asociación en la región 6q23.3 se detectó al analizar a los pacientes con AAV según la especificidad de autoanticuerpos. Dos fenotipos contribuyeron a esta señal, BD, asociada previamente con este locus¹²⁵, y AAV MPO-positiva. El gen *IFNGR1*, que desempeña un papel crucial en la inflamación, emergió como el gen causal más probable en esta región. Finalmente, y respaldando los resultados anteriores¹²³, en el caso del locus 21q22.2, asociado con TAK y EGPA ANCA-negativa según nuestros resultados, se priorizó un solo gen, *ETS2*. Se ha descrito que este factor de transcripción tiene funciones antiinflamatorias; sin embargo, *ETS2* también está involucrado en la diferenciación, activación y supervivencia de los macrófagos¹⁵² y promueve la angiogénesis¹⁵³.

Cabe señalar que nuestro estudio detectó la asociación entre el gen *NAGPA* y dos vasculitis pediátricas, KD e IgAV, identificada en nuestro análisis previo en el que combinamos datos genómicos de ambas enfermedades¹⁰⁶. Sin embargo, aunque esta señal estaba muy cerca del umbral de significación ($p=9,31E-07$), no alcanzó el nivel establecido para los GWAS, probablemente debido a la estricta corrección

estadística utilizada por el software empleado en este estudio. Con respecto a la asociación entre el polimorfismo de *KDM4C* (rs16925200) y varias vasculitis (GCA, TAK, IgAV y AAV) descrita previamente en un estudio en el que se analizó el componente genético compartido utilizando datos de la plataforma Immunochip¹⁰⁵, nuestro estudio no confirmó dicha asociación. Aunque varias de estas enfermedades contribuían a esta señal en nuestro estudio, específicamente IgAV y AAV, esta asociación no alcanzó significación genómica ($p=0.036$). Considerando estos resultados contradictorios, se necesitan más estudios para aclarar el papel de *KDM4C* como un *locus* de riesgo común para las vasculitis.

El análisis de enriquecimiento en marcas de histonas relacionadas con la transcripción génica activa evidenció un papel regulador específico de las variantes genéticas compartida en monocitos y células NK, B y T CD4+, lo que sugiere que estos tipos celulares son especialmente relevantes en los mecanismos patogénicos comunes implicados en las vasculitis. Vale la pena destacar que las células NK mostraron la señal de enriquecimiento más fuerte. Estos resultados respaldan el conocimiento previo sobre la patogénesis de las vasculitis y sugieren que se debe prestar especial atención a las células NK, cuyo papel en las vasculitis aún está por determinar.

Cada vez es más evidente que los hallazgos de los GWAS son útiles para identificar oportunidades de reutilización de fármacos existentes¹⁵⁴. En este sentido, basándonos en los resultados de nuestro meta-análisis, identificamos varios fármacos que podrían ser potencialmente reposicionados para las vasculitis, algunos de los cuales son especialmente prometedores, ya que están indicados para el tratamiento de otros trastornos mediados por el sistema inmunológico. De hecho, dos de estos fármacos, abatacept, una proteína de fusión

compuesta por la región Fc de IgG1 y el dominio extracelular de CTLA4 que inhibe la coestimulación de las células T, y ustekinumab, un anticuerpo monoclonal contra la subunidad p40 codificada por *IL12B*, se encuentran actualmente en ensayos clínicos en algunas de las vasculitis que contribuyen a estas asociaciones, como la GPA, la TAK y la BD. También es interesante comentar que varios de los genes priorizados eran diana del mismo fármaco, el fostamatinib, un inhibidor de la tirosina quinasa, lo que respaldaría la utilidad clínica potencial de este fármaco en el tratamiento de las diferentes vasculitis que contribuyen a estas asociaciones.

A pesar del gran número de individuos analizados en este estudio, el hecho de que se hayan meta-analizado datos de diferentes estudios y que, por lo tanto, se hayan genotipado con diferentes plataformas, imputado utilizando diferentes paneles de referencia y filtrado en base a criterios de calidad ligeramente diferentes, podría afectar al solapamiento de variantes, disminuyendo así el poder estadístico del análisis. Por lo tanto, no se puede descartar la existencia de otras asociaciones compartidas adicionales entre las vasculitis además de las descritas aquí. Además, mediante la anotación funcional *in silico*, hemos podido priorizar varios genes como potencialmente causales; sin embargo, la validación experimental de estos resultados es esencial para confirmar el papel de estos *loci* en la susceptibilidad a las vasculitis.

En conclusión, a través del estudio combinado de vasculitis más completo realizado hasta la fecha, hemos arrojado luz sobre el componente genético compartido en vasculitis, revelando mecanismos patogénicos comunes y nuevas opciones terapéuticas que podrían explorarse para el tratamiento de estas enfermedades.

Capítulo 2: Estudio del transcriptoma a nivel de célula única de linfocitos T CD4+ en pacientes con GCA

Introducción

Como se ha mencionado anteriormente, está establecido en la literatura el papel crucial que desempeñan las células T CD4+ en la patogénesis de la GCA, representando el tipo celular dominante en las lesiones vasculares de estos pacientes. Concretamente, se ha demostrado que dos subtipos de células T CD4+, Th1 y Th17, impulsan este proceso y, de hecho, se encuentran expandidos en la circulación periférica de los pacientes con esta vasculitis^{13,155}. Las Tregs también se han visto involucradas en la patogénesis de la GCA, encontrándose en menor proporción en sangre periférica de los pacientes con GCA^{42,156}.

Recientemente, se ha hecho evidente que la evaluación del perfil transcriptómico mediante secuenciación del ARN a nivel de célula única representa una herramienta idónea para estudiar la heterogeneidad celular, revelando así importantes conocimientos sobre la patogénesis de las enfermedades complejas y permitiendo la identificación de nuevas subpoblaciones de células con un papel patogénico^{113,157}. Además, el análisis del repertorio del TCR a nivel de una única célula junto con la secuenciación de ARN permite caracterizar la expansión clonal de las células T, proporcionando así una medida de la diversidad de las mismas y la especificidad de antígeno.

Por tanto, dada la importancia de las células T CD4+ en la patogénesis de la GCA, el objetivo de este estudio fue delinear de manera exhaustiva el papel de este tipo celular en la GCA mediante la secuenciación de ARN a nivel de célula única, así como de su repertorio

de TCR en pacientes con la enfermedad en su forma activa y en remisión.

Los resultados incluidos en este capítulo se publicaron en el artículo científico:

“Carmona EG, Callejas-Rubio JL, Raya E, et al. Single-cell transcriptomic profiling reveals a pathogenic role of cytotoxic CD4+ T cells in giant cell arteritis. J Autoimmun. 2023 (aceptado)”

Material y métodos

Muestras del estudio

En el estudio se incluyeron ocho pacientes con GCA y ocho controles sanos emparejados por edad y sexo. Los pacientes con GCA se reclutaron en el Hospital Clínico San Cecilio de Granada y se diagnosticaron según los síntomas clínicos, el resultado positivo de la biopsia de la arteria temporal y/o la evidencia positiva de GCA mediante imagen. Todos los pacientes cumplían los criterios de clasificación de la enfermedad establecidos por el ACR en 1990. Además, los pacientes con GCA se clasificaron según su estado clínico en el momento de la recogida de muestras en pacientes activos (n=5; pacientes recién diagnosticados o pacientes con recaídas durante el seguimiento) y pacientes en remisión (n=3; pacientes con la enfermedad en remisión tratados con dosis reducidas de prednisona (<10 mg/día). Todos los pacientes con GCA estaban recibiendo tratamiento con GCs en el momento de la recogida de muestras. Las principales características de los individuos incluidos en el estudio se muestran en el anexo 7. Este estudio se aprobó tanto por el Comité de Ética del CSIC como por el Comité de Ética de Investigación de la Provincia de Granada (CEIM/CEI). Además, se obtuvo el consentimiento informado por escrito

de cada paciente de acuerdo con los principios de la Declaración de Helsinki.

Tras la recogida de muestras de sangre fresca de pacientes y controles, se aislaron las células mononucleares de sangre periférica (PBMCs, *peripheral blood mononuclear cells*) mediante centrifugación en gradiente de densidad (Ficoll-Paque PLUS GE Healthcare). Seguidamente se aislaron las células T CD4+ utilizando el kit de aislamiento de células T CD4+ humanas EasySep™ (StemCell Technologies) siguiendo las instrucciones del fabricante. Después de evaluar el recuento celular y la viabilidad, las células T CD4+ se resuspendieron en medio de congelación (90% suero bovino fetal, 10% dimetilsulfóxido) y se criopreservaron en nitrógeno líquido hasta su procesamiento.

Preparación de librerías de células individuales y secuenciación

A partir de las células T CD4+ aisladas se prepararon las librerías de células individuales utilizando los kits comerciales Chromium Next GEM Single Cell V(D)J v1.1 (10x Genomics). Las suspensiones celulares se cargaron en el chip Chromium de 10x Genomics junto con microesferas, las cuales contienen una secuencia específica de oligonucleótidos que actúan como identificadores moleculares únicos (UMIs, *unique molecular identifiers*), y aceite para generar una emulsión de esferas cada una con una única célula en su interior (GEMs). El ADN complementario marcado con códigos identificadores generado en cada GEM individual mediante transcripción inversa se amplificó mediante PCR. Las librerías de secuenciación de ARN de célula única se generaron utilizando el Chromium Single Cell 5' Library & Gel Bead Kit, y las librerías de secuenciación del TCR de células individuales se construyeron utilizando el V(D)J Enrichment Kit, Human T Cell.

Finalmente estas bibliotecas se secuenciaron en una plataforma de secuenciación masiva (Illumina NovaSeq 6000) para generar lecturas pareadas de 2×100 pb.

Análisis de datos de secuenciación de ARN de células individuales

Procesamiento de datos y control de calidad.

Los datos crudos de secuenciación de ARN de células individuales se asignaron al transcriptoma humano GRCh38 y se realizó el recuento de UMIs utilizando el software Cell Ranger (v.4.0.0). Los archivos de datos de salida se prepararon individualmente para el control de calidad con el paquete R Seurat V.4¹⁵⁸.

En este control de calidad se eliminaron: las células que expresaban menos de 400 o más de 2.500 genes únicos; las células con una fracción de genes mitocondriales (MT) superior al 8% y las células con un porcentaje de genes ribosomales inferior al 15%. También se eliminaron las células que no expresaban CD3+ o expresaban CD8+ (CD8A, CD8B) (Anexo 8).

Detección de células dobles

Para predecir y eliminar dobletes de nuestros datos, se implementó el paquete de datos DoubletFinder V2.0¹⁵⁹. Este paso se realizó después de las etapas de filtrado y normalización, pero antes de la integración, como recomienda el desarrollador. Basándonos en la tasa estimada de multipleres de 10X Genomics, se eliminaron en promedio 540 posibles dobletes de cada conjunto de datos de muestra (Anexo 8).

Normalización e integración de datos

Cada muestra se normalizó individualmente utilizando SCTransform V2¹⁶⁰, teniendo en cuenta los 3.000 genes con mayor variabilidad entre las células analizadas. A continuación, se realizó la integración utilizando el Análisis de Componentes Principales Recíprocos (RPCA) incorporado en Seurat v4.0.

Puntuación del ciclo celular y regresión de genes MT

Determinamos la fase del ciclo celular asignando una puntuación a cada célula con la función *CellCycleScoring()* de Seurat. Posteriormente, los datos de expresión génica se ajustaron mediante regresión lineal utilizando esta puntuación y el porcentaje de genes MT como covariables, para eliminar su influencia en los análisis posteriores.

Agrupación de células y proyección

La agrupación de células o *clustering* se realizó en función de los primeros 19 PCs, que determinaban aproximadamente el 90% de la varianza total en nuestros datos (Anexo 9). Como resultado, se generaron 13 grupos (*clusters*) utilizando el algoritmo Louvain con un parámetro de resolución de 0.8. Estas agrupaciones celulares se representaron mediante gráficas a través de una técnica de reducción de la dimensionalidad denominada *Uniform Manifold Approximation and Projection* (UMAP) para visualizar perfiles de expresión similares de las células en un espacio reducido a 2 dimensiones.

Anotación del tipo celular

Para determinar los tipos celulares a los que correspondían los distintos *clusters* celulares detectados, se identificaron aquellos genes sobreexpresados en cada *cluster* en comparación con el resto utilizando

la prueba de suma de rangos de Wilcoxon mediante la función *FindMarkers()*. Todos los genes con un valor de $p < 0,05$ tras la corrección por Bonferroni y con un logaritmo en base 2 del fold change ($\log_2 \text{ fold change(FC)} \geq 0.20$) se consideraron diferencialmente expresados (DEGs, *differentially expressed genes*). La anotación del tipo celular se realizó en primer lugar con el paquete de anotación automatizada SingleR¹⁶¹, que compara el transcriptoma de cada grupo con el conjunto de datos de referencia de la *Database of Immune Cell Expression* (DICE)¹⁶². Posteriormente, se llevó a cabo un proceso de anotación manual considerando la expresión de marcadores canónicos así como marcadores previamente descritos de células T CD4+¹⁶³. Se eliminaron tres poblaciones residuales ($n < 30$) anotadas como células B o monocitos.

Análisis de composición celular

Para comparar las diferencias en la composición celular entre los pacientes con GCA y los controles sanos, así como entre los subgrupos de pacientes con GCA, empleamos el paquete edgeR¹⁶⁴ y su función *glmQLFTest()*, que utiliza un modelo lineal generalizado negativo binomial (NB-GLM) adecuado para modelar datos masivos como los de secuenciación de ARN de célula única, teniendo en cuenta la sobredispersión inherente a este tipo de datos.

Análisis de expresión diferencial

Los genes con expresión diferencial significativa entre los pacientes con GCA y los controles sanos, así como entre los subgrupos de pacientes con GCA, se identificaron por separado para cada tipo celular utilizando el test de suma de rangos de Wilcoxon bajo la función *FindMarkers()* de Seurat. Dado que el número de hombres y mujeres

entre los diferentes subgrupos era ligeramente diferente, se añadió el género como covariable para controlar su influencia. Se utilizó el método de Bonferroni para corregir por comparaciones múltiples y se consideraron *DEGs* a aquellos genes que mostraban un $\log_2 FC \geq 0.2$ y valores de p ajustados $< 0,05$.

Análisis de enriquecimiento de procesos biológicos

Para identificar rutas biológicas implicadas en la patogénesis de la GCA, se llevó a cabo una exploración de los procesos biológicos enriquecidos en el conjunto de *DEGs* identificados en cada subtipo de células T CD4+ y en cada comparación (activos vs. controles sanos; activos vs. en remisión; en remisión vs. controles sanos) utilizando la herramienta web STRING¹⁶⁵.

Análisis mediante citometría de flujo

Para confirmar los hallazgos del análisis de secuenciación de ARN a nivel de célula única, se recolectaron muestras de *PBMCs* de 25 pacientes con GCA procedentes de un estudio previo recogidas en el Hospital Clinic de Barcelona¹⁶⁶. Estos pacientes se clasificaron en tres subgrupos clínicos según la actividad de la enfermedad y el tratamiento recibido incluyendo nueve pacientes sin tratamiento con enfermedad activa, siete pacientes en remisión sin tratamiento y nueve pacientes en remisión tratados con GCs, así como diez controles sanos. Las características clínicas detalladas de estos individuos se pueden encontrar en el Anexo 10. Se utilizó una unidad FacSymphonyTM (BD Biosciences) y el software FlowJo v10.7 para analizar el porcentaje de células T CD4+ que expresaban los marcadores de citotoxicidad granzima B (GZMB) y perforina 1 (PRF1). En primer lugar, diseñamos un panel de citometría de flujo que incluía los siguientes anticuerpos:

anti-CD3 humano-APC, anti-CD4 humano-APC-H7, anti-GZMB humano-PE y anti-PRF1 humano-FITC, adquiridos de BD Pharmingen.

Las células fueron tratadas primero con la solución de viabilidad eFluor™ 450 (eBioscience™), seguido de la tinción de anticuerpos de proteínas de superficie (CD3 y CD4). Posteriormente, se lavaron y trataron con un tampón de permeabilización (IntraPrep™, Beckman Coulter) antes de la tinción con anticuerpos de proteínas intracelulares (GZMB y PRF1) y la fijación celular (IOtest3™, Beckman Coulter).

Para todas las muestras se realizó una selección de linfocitos en base a sus parámetros FSC/SSC y, posteriormente, se filtraron posibles dobletes y células con viabilidad reducida (Anexo 11). Se descartaron cuatro muestras debido a parámetros irregulares o porcentajes de viabilidad bajos. Para las 31 muestras restantes (ocho pacientes con GCA activos no tratados, seis pacientes con GCA en remisión no tratados, ocho pacientes con GCA en remisión tratados con GCs y nueve controles sanos), se calculó la media del porcentaje de linfocitos T CD4+ que expresaban GZMB o PRF1. Esta media se comparó entre los pares de grupos mediante la realización de un test *t* de Welch de dos muestras. Se consideraron estadísticamente significativos los valores de *p* inferiores a 0,05.

Análisis del TCR de células individuales

Simultáneamente a la secuenciación del transcriptoma de célula única, se utilizó la tecnología *immune profiling* de 10X genomics para obtener la secuencia del repertorio del TCR (Anexo 12). El ADNc enriquecido de las cadenas TCR- α y TCR- β se utilizó para construir las librerías genómicas. Tras la secuenciación de las mismas, las lecturas se ensamblaron utilizando CellRanger VDJ (10x Genomics, v4.0.0). Solo

se analizaron las secuencias TRA-TRB productivas utilizando el paquete R *scRepertoire* v1.8.0¹⁶⁷. Posteriormente, se identificaron los clonotipos expandidos, definidos como una secuencia de TCR detectada en al menos dos células, y se cuantificaron como pequeños ($1 < X \leq 5$), medianos ($5 < X \leq 20$), grandes ($20 < X \leq 100$) e hiperexpandidos ($100 < X \leq 600$) según su frecuencia. Para determinar la diversidad del TCR en cada tipo celular, se calculó el índice de entropía inversa de Shannon con la función *clonalDiversity()* incluida en *scRepertoire*.

Análisis de pseudotiempo

Aplicamos la metodología descrita en el paquete informático *Monocle3*¹⁶⁸ para descubrir posibles trayectorias de diferenciación celular. Se utilizó la función *learn_graph()* para inferir las distintas vías (*branches*) de diferenciación celular y asignar un valor de pseudotiempo a cada célula. Basándonos en la mayor expresión de genes de células T naïve (*CCR7*, *LEF1* y *SELL*) observada en el *cluster 3*, lo seleccionamos como nodo inicial del pseudotiempo. Además, aplicamos el paquete *Destiny* (v3.12.0)¹⁶⁹ para llevar a cabo un análisis alternativo de reducción de dimensionalidad no supervisada mediante un “mapa de difusión”. Esta proyección de los datos mide la probabilidad de transición de un punto a otro basándose en la construcción de un núcleo de difusión.

Análisis de factores de transcripción

Utilizamos el paquete *decoupleR*¹⁷⁰ para estimar las puntuaciones de actividad de los factores de transcripción (TF, *transcription factors*). Este software permite inferir la actividad de un TF a nivel de célula única basándose en la expresión ponderada de sus genes diana.

En primer lugar, accedimos a los datos de la red reguladora de genes CollecTRI a través de OmniPathR. CollecTRI recopila datos de 12 fuentes diferentes (ExTRI, HTRI, TRRUST, TFActS, IntAct, SIGNOR, CytReg, GEREDB, Pavlidis, DoRothEA A, NTNU curations), lo que resulta en una amplia cobertura de interacciones entre TFs y sus genes diana. Para nuestro análisis, utilizamos el conjunto humano de CollecTRI, que contiene información sobre 1.178 TFs únicos. Posteriormente aplicamos un modelo lineal univariante para asignar puntuaciones de actividad de TF a cada célula en el estudio. Una puntuación positiva indicaba actividad del TF, mientras que una puntuación negativa indicaba inactividad del TF.

Para identificar TFs que mostraran actividad diferencial entre ambos grupos de pacientes con GCA y controles sanos, así como entre pacientes activos y en remisión, utilizamos la prueba de suma de rangos de Wilcoxon y la prueba de la g de Hedge para evaluar las diferencias de medias y tamaños de efecto, respectivamente. Seleccionamos TFs relevantes que cumplieran con los criterios FDR (*false discovery rate*) < 0.05 y g de Hedge > 0.5 , lo que indica un efecto de tamaño medio.

Análisis de dianas terapéuticas a nivel de célula única.

Para identificar posibles fármacos dirigidos a subtipos específicos de células T CD4+, utilizamos el software ASGARD (*A Single-cell Guided Pipeline to Aid Repurposing of Drugs*)¹⁷¹. Utilizando nuestros datos de expresión diferencial, empleamos la función *GetDrug()* para identificar aquellos medicamentos que pueden revertir significativamente (FDR de un solo grupo $< 0,05$) sus niveles de expresión en el set de datos de respuesta a medicamentos L1000¹⁷². Este set de datos es parte del proyecto LINCS y mide cómo las células responden a diferentes compuestos, incluyendo medicamentos. En

lugar de medir la expresión de todos los genes en el genoma, L1000 se enfoca en 1.000 genes representativos, llamados "genes de referencia". A partir de estos, se infiere mediante modelos matemáticos cómo se afecta la expresión del resto de genes. Esta información ayuda a identificar cómo los medicamentos actúan a nivel molecular y a explorar nuevos usos potenciales para ellos.

Resultados

Caracterización de linfocitos T CD4+ a nivel de célula única en la GCA

En este estudio, analizamos el perfil transcriptómico a nivel de célula única de linfocitos T CD4+ de ocho pacientes con GCA (cinco en estado activo y tres en remisión) y ocho controles sanos. Tras el control de calidad, se analizaron un total de 114.799 células, incluyendo 49.960 células de pacientes y 64.839 células de controles (Anexo 7).

Basándonos en sus perfiles de expresión, las células se agruparon y proyectaron en 2D utilizando la metodología de visualización UMAP. Identificamos 13 *clusters* (Figura 11 y Material suplementario 2 tabla 5), los cuales se asignaron a seis subpoblaciones diferentes de células T CD4+ según la expresión de marcadores celulares establecidos y previamente descritos¹⁶³ (Figura 12a y Material suplementario 2 tabla 6). Estas poblaciones incluían: células T naive (T_N) (*clusters* 0, 3, 4, 5, 6 y 11), caracterizadas por la expresión de marcadores *naive*, como *CCR7* y *SELL*; células T memoria central (T_{CM}) (*clusters* 1, 2 y 9), que expresan niveles más altos de *IL7R* junto con niveles más bajos de *CCR7*; células efectoras de memoria (T_{EM}) (*cluster* 12), que expresan genes relacionados con funciones efectoras, como *GZMA*, *ANXA2*, *LGALS1* y *S100A4*; una subpoblación de células T (*cluster* 7) que muestra una alta expresión de *GZMK* (GZMK+); células T citotóxicas (CTL) (*cluster* 10), caracterizadas por niveles de expresión elevados de genes relacionados con la citotoxicidad (*GNLY*, *NKG7*, *PRF1*, *GZMB*); y Tregs (*cluster* 8), que expresan *FOXP3* e *IL2RA*.

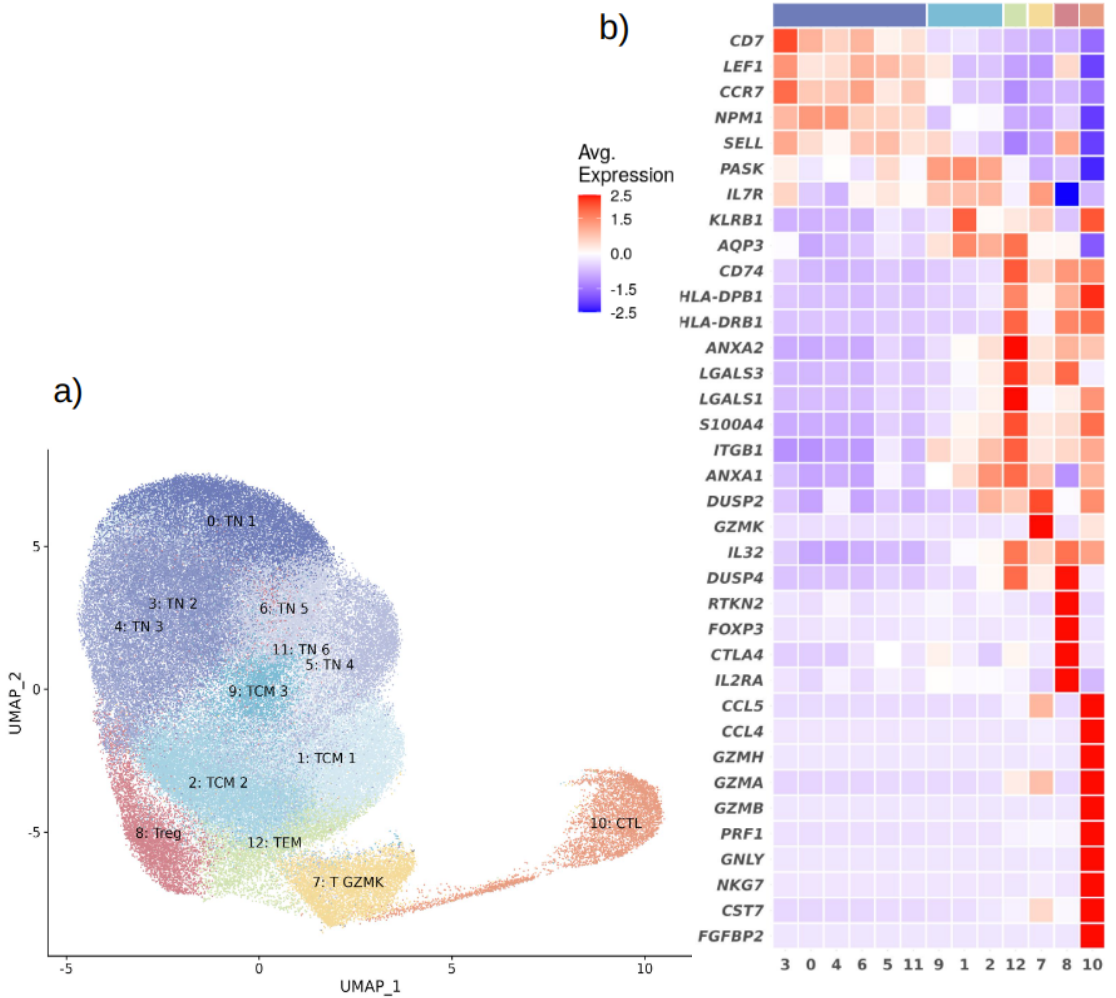


Figura 11. Anotación funcional de los clusters celulares identificados. a) Visualización UMAP de los datos de secuenciación de ARN de célula única de 114.799 células T CD4+. b) Heatmap mostrando los niveles de expresión media por cluster de los marcadores con mayor diferencia de expresión entre clusters y de los marcadores canónicos de tipo celular. Los colores representan células en los 13 clusters definidos, incluyendo seis clusters de células T naïve (TN), tres clusters de células T memoria central (TCM), un cluster de células T memoria efectora (TEM), un cluster de células T GZMK+ (T GZMK), un cluster de células T citotóxicas (CTL) y un cluster de células T reguladoras (Treg).

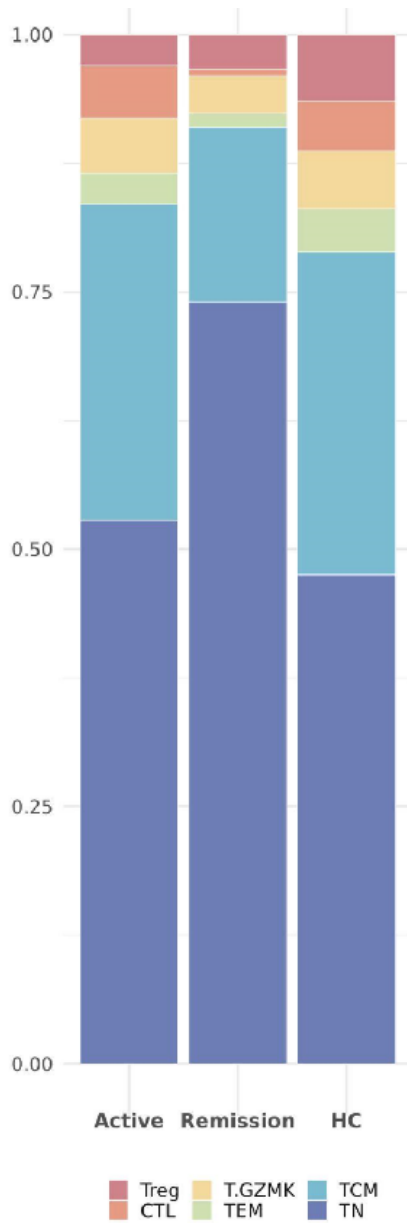


Figura 12. Porcentaje relativo de cada subtipo celular en pacientes con arteritis de células gigantes activa, pacientes en remisión y controles sanos (HC).

Las CTL CD4+ están aumentadas en pacientes con GCA activa

Después de identificar los subtipos de células T CD4+, se evaluaron los cambios en la composición celular comparando la frecuencia de estos subtipos celulares entre pacientes con GCA y controles (Figura 12 y Anexo 13).

No se encontraron diferencias al considerar la enfermedad en general; sin embargo, cuando los pacientes fueron estratificados según la actividad de la enfermedad, encontramos una marcada expansión de las CTLs CD4+ en pacientes activos en comparación con pacientes en remisión (5,11% vs. 0,69%; $p=0,0011$) y una reducción en pacientes en remisión en comparación con controles (0,69% vs. 4,84%; $p=0,033$) (Figura 12b). Recientemente, se ha descrito una expansión de las CTL CD4+ en pacientes con varias enfermedades autoinmunes en comparación con individuos sanos; sin embargo, aunque el porcentaje de CTLs fue ligeramente mayor en pacientes de GCA activos en comparación con controles (5,11% vs. 4,84%), este no difería significativamente.

En estudios previos se ha descrito que el tratamiento con GCs resulta en una reducción de las células T CD4+ citotóxicas¹⁷³. Considerando esto, planteamos la hipótesis de que el bajo número de CTLs observado en pacientes activos podría ser una consecuencia del tratamiento con GCs. Para probar esta hipótesis y validar la expansión de las CTLs en pacientes activos en ausencia de tratamiento, utilizamos citometría de flujo para analizar el porcentaje de células T CD3+CD4+ que expresan GZMB o PRF1 en una cohorte independiente de pacientes con GCA clasificados en tres subgrupos diferentes según la actividad de la enfermedad y el tratamiento, incluyendo ocho pacientes activos sin tratamiento, ocho pacientes en remisión tratados con GCs,

seis pacientes en remisión sin tratamiento y nueve controles sanos (Anexo 14).

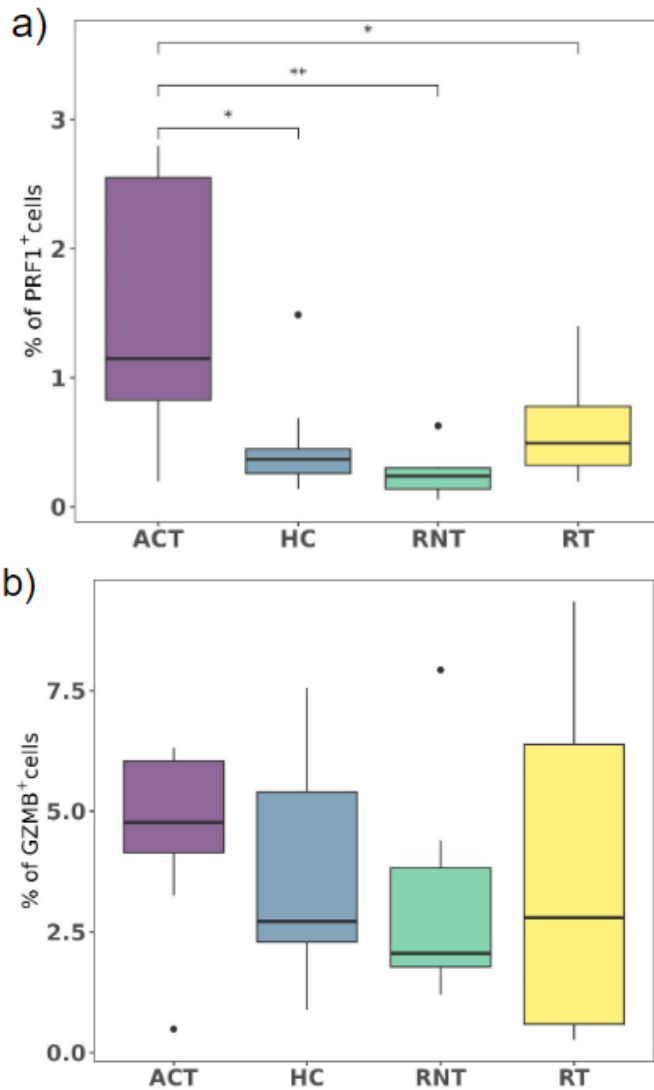


Figura 13. Análisis del porcentaje de células T CD4+ citotóxicas mediante citometría de flujo. Boxplots mostrando el porcentaje de células T CD4+PRF+ (a) y células T CD4+GZMB+ (b) para los 31 individuos analizados, 8 pacientes de GCA activos (ACT), 9 controles sanos (HC), 6 pacientes en remisión sin tratamiento (RNT) y 8 pacientes en remisión con tratamiento (RT). $P < 0.05$ (Prueba T de dos muestras de Welch).

Notablemente, el porcentaje de células PRF1+ en el total de células T CD3+CD4+ fue estadísticamente mayor en pacientes activos en comparación con cualquiera de los otros subgrupos, controles sanos ($p=0,025$), pacientes en remisión sin tratamiento ($p=0,0097$) y pacientes en remisión tratados con GCs ($p=0,043$) (Figura 13a). También se observó un mayor porcentaje de células CD4+GZMB+ en pacientes activos en comparación con controles sanos y pacientes en remisión; sin embargo, estas diferencias no fueron estadísticamente significativas (Figura 13b).

Las Tregs efectoras están disminuidas en pacientes con GCA

La comparación de las proporciones relativas de células también evidenció diferencias en el porcentaje de Tregs entre pacientes con GCA y controles. Específicamente, el número de Tregs fue menor en pacientes activos en comparación con individuos sanos (3,02% vs. 6,44%; $p=0,023$) (Figura 12b). Se observó una tendencia similar en el subgrupo de pacientes en remisión, aunque esta diferencia no alcanzó significación estadística (3,31% vs. 6,44%; $p=0,154$).

Considerando la heterogeneidad funcional de la población de Tregs, decidimos realizar un *subclustering* para caracterizar aún más este subtipo celular. El *cluster* de Tregs se dividió en ocho nuevos *subclusters* en base a genes diferencialmente expresados (Figura 14a). Según los marcadores previamente definidos de Tregs naïve y efectoras y los principales genes característicos de cada subgrupo, cuatro *subclusters* (*clusters* 1, 2, 3 y 5), que expresaban *CCR7* e *IL7R*, correspondían a un fenotipo naïve o de memoria central, mientras que los otros cuatro *subclusters* (*clusters* 0, 4, 6 y 7) mostraban un fenotipo efector con una mayor expresión de genes involucrados en la función supresora de las Tregs, incluyendo *CTLA4*, *IL10RA* y *LGALS1* (Figura

14b y Material suplementario 2 tabla 7). Cabe mencionar que el *cluster* 4, uno de los *clusters* efectores, se caracterizaba por una alta expresión de genes HLA de clase II (Anexo 15), que tienen un papel clave en las funciones reguladoras de las Tregs¹⁷⁴, y de las quimioquinas *CXCR3* y *CCR6*, involucradas en la migración celular a zonas de inflamación.

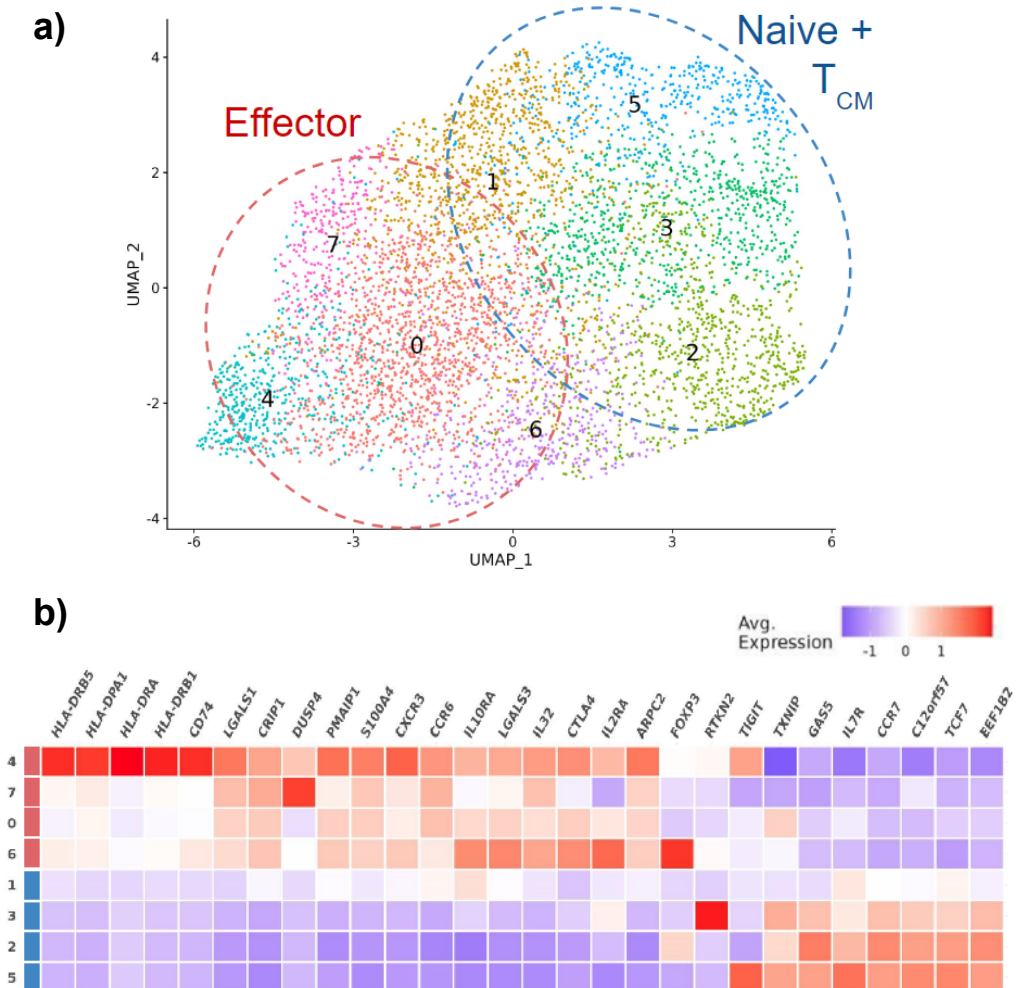


Figura 14. Subclustering de células Tregs. a) Los puntos de colores representan células individuales en ocho subclusters definidos, incluyendo cuatro subclusters de Tregs naïve/memoria central y cuatro subclusters de Tregs efectoras. a) Niveles de expresión promedio de genes relevantes en el subcluster de Tregs.

Cabe destacar que la mayoría de los *subclusters* con fenotipo efector, específicamente los *clusters* 4, 6 y 7, estaban disminuidos en pacientes con GCA en comparación con controles sanos ($p=0,01$, $p=0,021$ y $p=0,0047$, respectivamente). Por el contrario, los *clusters* con un fenotipo menos activado, incluyendo los *clusters* 2 y 3, estaban aumentados en GCA ($p=0,01$ y $p=0,038$, respectivamente) (Figura 15).

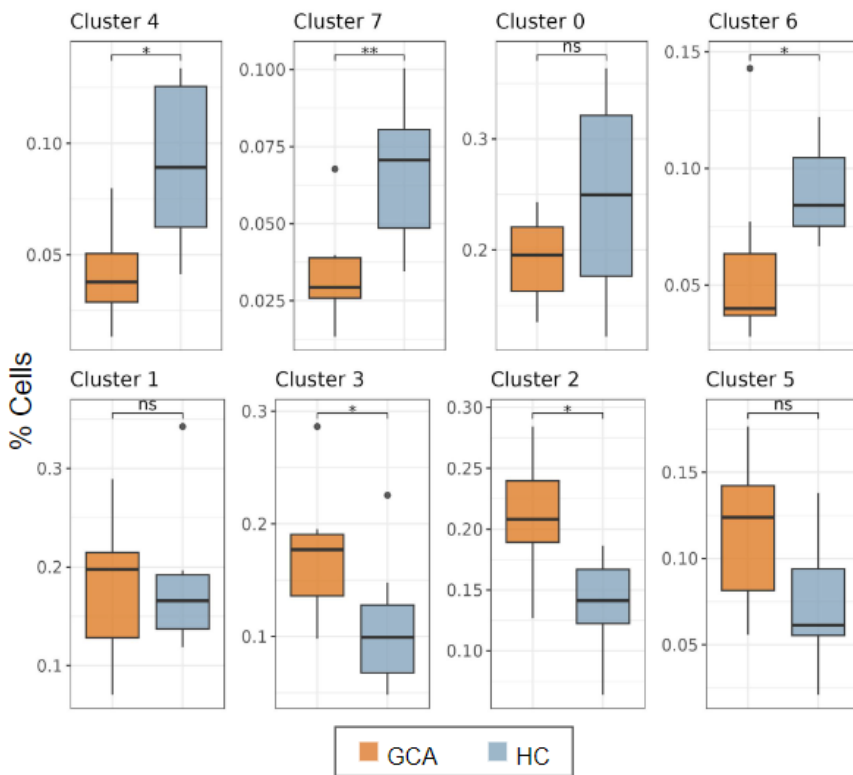


Figura 15. Diferencias de proporción de los subclusters naïve y efector entre pacientes con arteritis de células gigantes y controles (HC).

Por otro lado, el análisis de los datos transcriptómicos a nivel de célula única también mostró una proporción reducida de otros subtipos de células CD4+, específicamente T_{CM} (p=0,017) y T_{EM} (p=0,017), en pacientes en remisión en comparación con controles sanos, mientras que el porcentaje de T_N tendía a ser mayor en el subgrupo de pacientes sin signos de enfermedad (p=0,084) (Figura 12).

Las células T CD4+ de pacientes activos presentan mayores niveles de expresión de genes relacionados con citotoxicidad y una actividad reguladora reducida

Para identificar cambios transcriptómicos entre pacientes con GCA y personas sanas, realizamos un análisis de expresión diferencial para cada tipo celular por separado (Anexos 16-18). Se encontraron DEGs en las diferentes subpoblaciones de células T CD4+ y en las tres comparaciones.

En el caso de las CTLs, en comparación con los individuos sanos, los pacientes de GCA activos mostraron niveles de expresión elevados de varias quimioquinas (*CCL5*, *CCL4* y *CCL4L2*) y el factor de transcripción *ZNF683*, también conocido como *HOBIT*, que es crucial para la función citotóxica de las células T CD4+^{175,176} (Figura 16a y Anexo 16). Además, otros genes involucrados en la citotoxicidad, incluyendo *GZMH*, *GZMB*, *FGFBP2* y *NKG7*, estaban sobreexpresados en pacientes activos en comparación con pacientes en remisión (Figura 16a y Anexo 17). Por el contrario, estos mismos genes, junto con otros genes citotóxicos (*GNLY*, *SPON2*, *PRF1* y *GZMA*), mostraron niveles de expresión disminuidos en el subgrupo de pacientes en remisión en

comparación con los controles (Figura 16a y Anexo 18). Esto sugiere que la citotoxicidad mediada por CTLs está inhibida en pacientes con GCA sin signos de enfermedad.

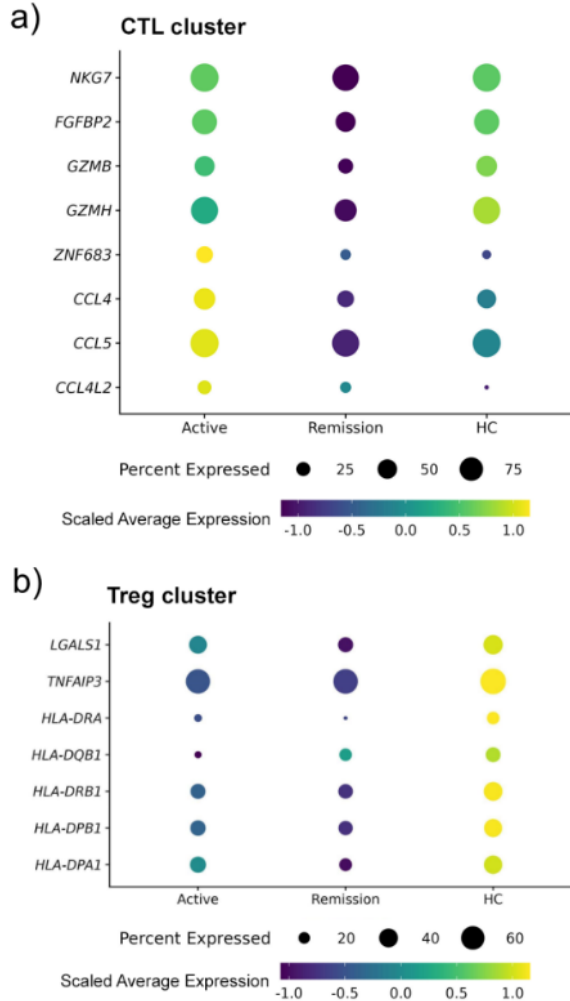


Figura 16. Genes desregulados en los clusters de células T CD4+ citotóxicas y T reguladoras de pacientes con GCA. Diagrama de puntos mostrando la expresión de genes citotóxicos y quimiotácticos expresados diferencialmente en células T CD4+ citotóxicas (CTLs) (a) y genes relacionados con la función supresora de las T reguladoras (Tregs) en la subpoblación de Tregs (b) para pacientes con GCA activa, en remisión y controles sanos (HC). El tamaño de cada círculo representa el porcentaje de células que expresan el gen y el color indica la expresión promedio.

En cuanto a las Tregs, los genes involucrados en la función supresora de este tipo celular, como *DRB1*, *DQB1* y *LGALS1*^{174,177,178}, mostraron niveles de expresión más bajos tanto en pacientes activos como en pacientes en remisión en comparación con el grupo control (Figura 16b y Anexos 16 y 18).

Además, otros subtipos de células T CD4+ también mostraron niveles de expresión alterados en genes con un papel relevante en el proceso inflamatorio. En este sentido, las células GZMK+ de pacientes en el estado activo de la enfermedad presentaban niveles aumentados de *LTB* y *CCL5* comparados con pacientes en remisión (Anexo 17), mientras que este mismo tipo celular mostró una disminución de la expresión de genes importantes, como *ANXA1* y *CD74*, en pacientes en remisión comparados con controles (Anexo 18).

A continuación, evaluamos el significado biológico de la expresión diferencial identificada usando un análisis de enriquecimiento de rutas biológicas. Este análisis evidenció varias vías que estaban alteradas en GCA (Anexo 19a, 19b y 19c y Material suplementario 2 tabla 8-23)

Comparados con controles sanos, los DEGs en las CTLs de pacientes activos presentaban un enriquecimiento en vías relacionadas con el reclutamiento y activación de diferentes tipos celulares, incluyendo neutrófilos, monocitos, linfocitos y células NK (Anexo 19a y Material suplementario 2 tabla 8). Otras vías con un papel conocido en la patogénesis de la GCA, como la respuesta celular a la IL-1, la respuesta celular al TNF y la respuesta celular al IFN- γ , también estaban enriquecidas en las CTLs CD4+ de pacientes activos en comparación con las personas sanas (Anexo 19a y Material suplementario 2 tabla 8). Además, varias vías enriquecidas en pacientes activos eran compartidas entre diferentes tipos celulares, incluyendo

algunas vías con un papel potencial en el contexto de la patogénesis de la GCA, como la regulación del proceso apoptótico de las células endoteliales (Anexo 19a y Material suplementario 2 tabla 10-13).

El conjunto de DEGs en pacientes activos comparados con pacientes en remisión también evidenció un enriquecimiento en vías importantes como la señalización apoptótica mediada por granzimas, en CTLs (Anexo 19b y Material suplementario 2 tabla 14), la activación de neutrófilos, en células GZMK+ (Anexo 19b y Material suplementario 2 tabla 17) y la activación y proliferación de células alfa-beta CD8⁺, en diferentes subtipos celulares (Anexo 19b y Material suplementario 2 tabla 15 y 18).

En el caso de las Tregs, también se observó un enriquecimiento en vías de relevancia como la vía de señalización del TCR, el procesamiento y presentación de antígenos endógenos y exógenos vía MHC de clase I y II y la vía de señalización del IFN- γ , entre otras, en ambos tipos de pacientes de GCA comparados con controles sanos (Anexo 19a y 19c y Material suplementario 2 tabla 13 y 23).

Con respecto a individuos sanos, los pacientes en remisión, presentaban una disminución de la expresión de genes involucrados en múltiples vías, incluyendo la citotoxicidad y citolisis mediada por células T, en CTLs (Anexo 19c y Material suplementario 2 tabla 19), y la regulación de la producción de citoquinas, la regulación positiva de la adhesión y migración célula-célula, la vía de señalización del receptor Fc y la regulación positiva de la diferenciación de monocitos, entre otras, en las células T GZMK+ (Anexo 19c y Material suplementario 2 tabla 22).

Las CTLs muestran una marcada expansión clonal

Posteriormente, utilizamos CellRanger para definir clonotipos en base a las secuencias CDR3 de las cadenas alfa y beta del TCR. De las 121.628 células incluidas en el análisis del repertorio inmunológico, obtuvimos información de ambas cadenas del TCR para el 76% de ellas. Tras el control de calidad pertinente, se incluyeron un total de 81.752 células en este análisis (Anexo 12).

Entre las poblaciones CD4+, el *cluster* de CTLs mostró la mayor expansión clonal, el cual comprendía casi todos los clones con más de 20 células (Figura 17a). En consecuencia, el porcentaje de clonotipos expandidos fue marcadamente mayor en las CTLs (84.92%) en comparación con los otros subtipos de células T (<26%) (Figura 17b). A continuación, calculamos el índice de entropía inversa de Shannon para evaluar la diversidad clonal del repertorio del TCR de cada subtipo celular específico en ambos subgrupos de pacientes y en controles sanos. Este índice mostró una menor diversidad clonal de las CTLs en pacientes con GCA activa en comparación con pacientes en remisión (prueba de rangos de Wilcoxon $p=0,036$) mientras que la diversidad clonal era similar entre pacientes activos y controles (Figura 17c). Sin embargo, la evaluación del solapamiento en las secuencias CDR3 entre los individuos analizados no identificó clonotipos compartidos entre los pacientes con GCA (Anexo 20).

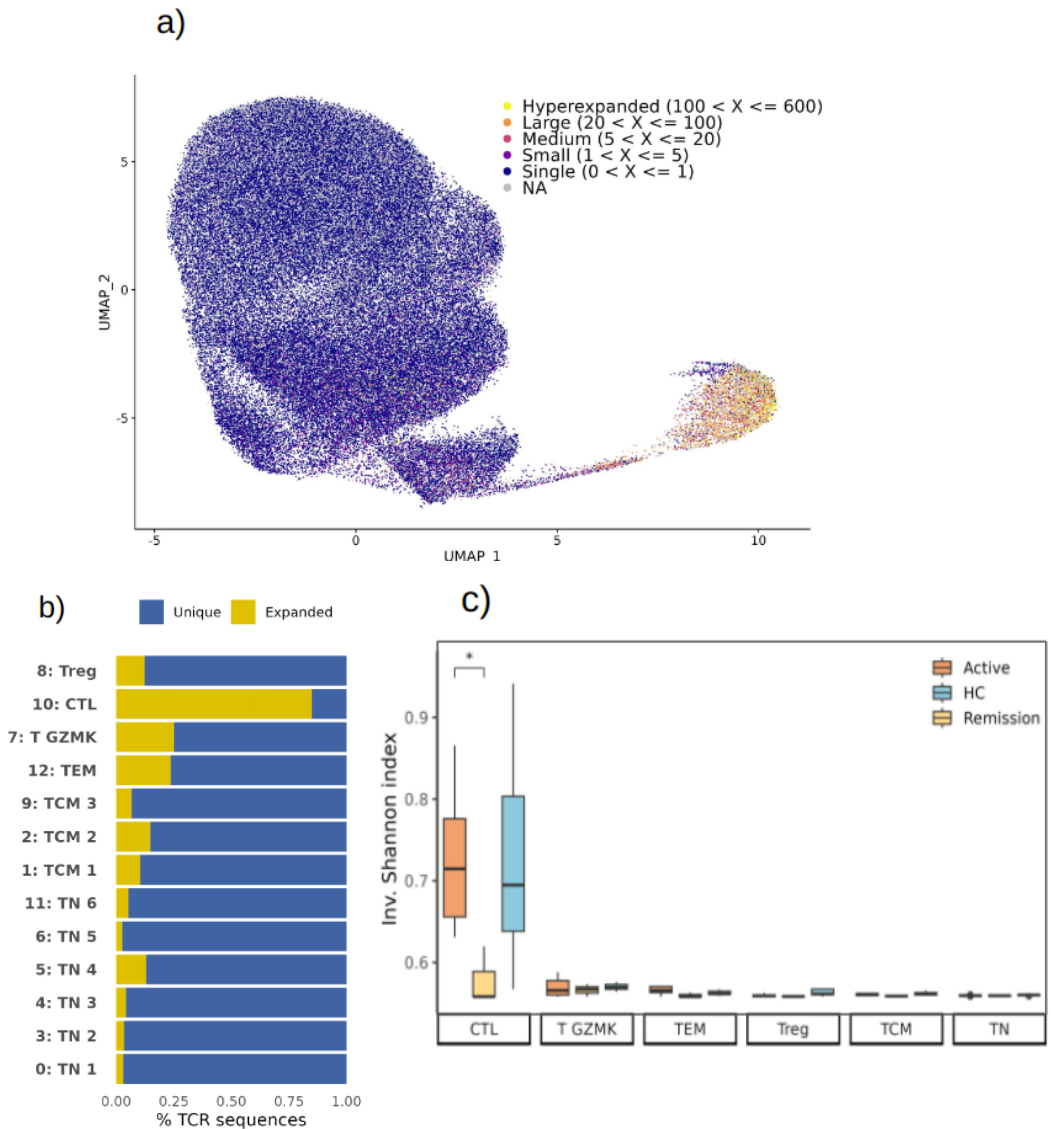
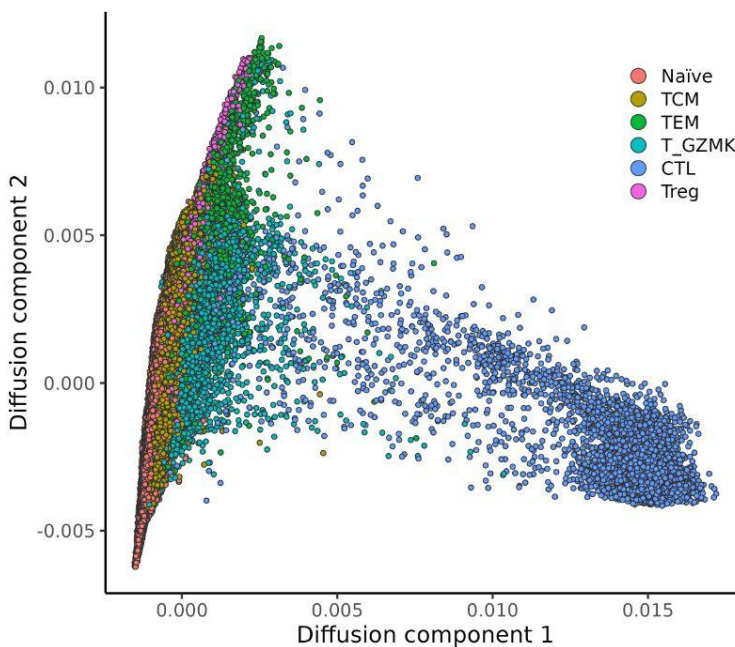


Figura 17. Análisis del repertorio del receptor de células T (TCR). (a) Representación UMAP de los datos de secuenciación del TCR de célula única coloreados según la clonalidad de TCRs específicos. (b) Diagrama de barras mostrando el porcentaje de clonotipos expandidos en cada cluster. (c) Diversidad del repertorio de TCRs medida con el índice de entropía inversa de Shannon en cada muestra agrupadas por tipo celular y coloreada por grupos (GCA activo, remisión y control (HC)).

Las células T CD4+ de pacientes con GCA en remisión presentan estados menos diferenciados

Para investigar la relación entre las subpoblaciones de células T CD4+, construimos un mapa de trayectorias utilizando Monocle v3 y un mapa de difusión. Tal y como se viene observando en la literatura, en la trayectoria de diferenciación de las células T CD4+ se evidenció una separación temporal clara entre las células naïve y las efectoras terminalmente diferenciadas (Figura 18). Las células al principio de la trayectoria correspondían a las T_N , que progresaban gradualmente a T_{CM} , T_{EM} , GZMK+ y, finalmente, a las CTLs. También se observó una ligera ramificación de las Tregs junto con algunas T_{EM} . Además, la mayoría de los clonotipos expandidos se ubicaron preferentemente en la rama de las CTLs, lo que respalda la expansión clonal de este subtipo celular (Figura 18).



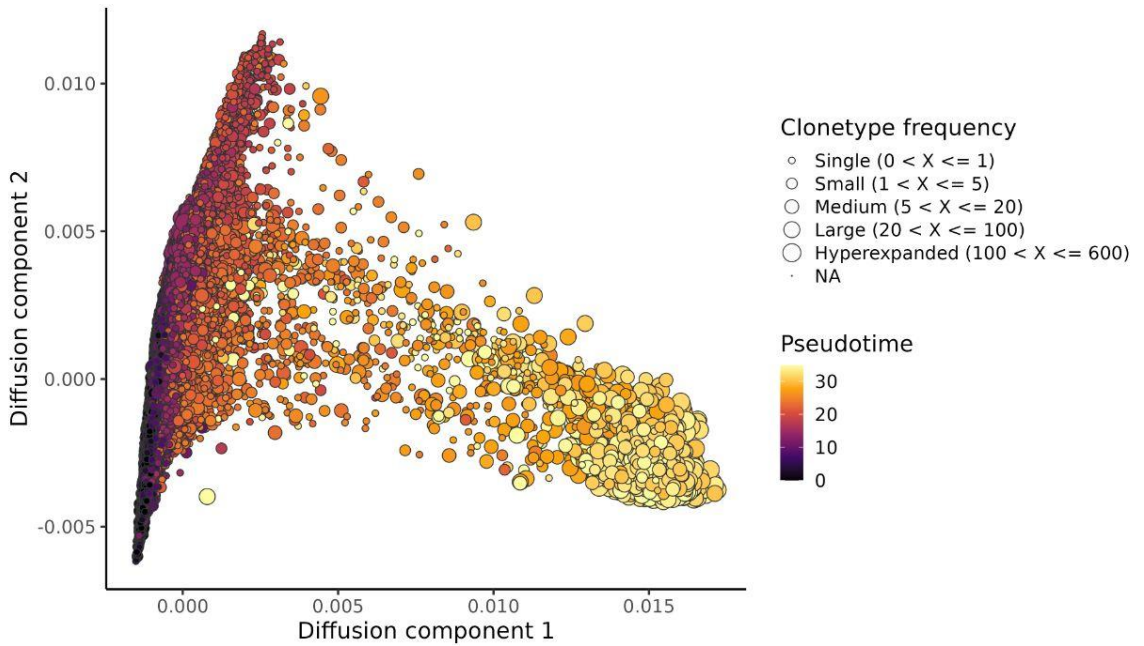


Figura 18. Mapas de difusión que muestran la trayectoria pseudotemporal de las células T CD4+. Cada célula está coloreada según el tipo celular (panel superior) o el valor pseudotemporal (panel inferior). En el panel inferior, el tamaño de los clones, desde clonotipos individuales hasta clonotipos hiperexpandidos, está representado por el tamaño de los puntos.

Para identificar diferencias en la trayectoria de desarrollo de las células T CD4+, exploramos la distribución de las células a lo largo del pseudotiempo por separado para los tres subgrupos de individuos, pacientes activos, pacientes en remisión y controles sanos (Figura 19a). Se observó un menor porcentaje de células T CD4+ con valores de pseudotiempo más tardíos (>17) en pacientes en remisión en comparación con pacientes activos ($p=0.0042$) y controles ($p=0.0038$), lo que indica una desviación hacia estados menos diferenciados en el subgrupo de pacientes con signos de enfermedad (Figura 19b).

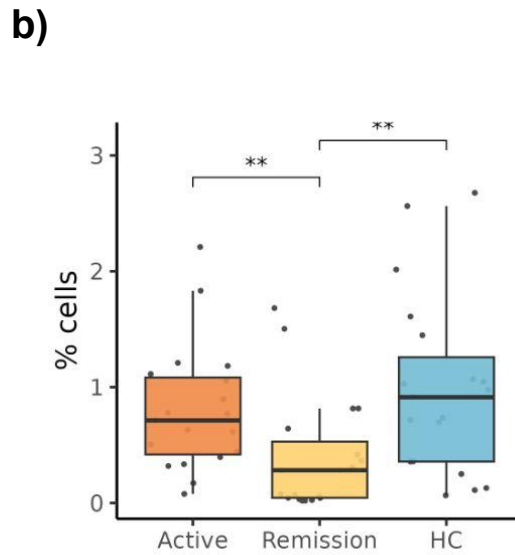
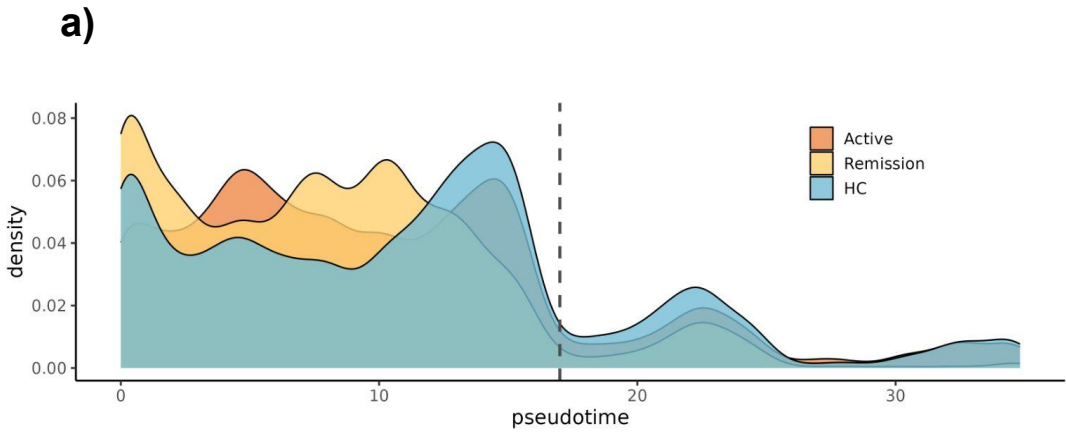


Figura 19. Análisis de pseudotiempo. a) Gráfico de densidad que muestra el porcentaje de células T CD4+ según su valor de pseudotiempo. b) Diagrama de barras mostrando el porcentaje de células T CD4+ con valores de pseudotiempo superiores a 17 en pacientes con GCA activa, pacientes en remisión y controles sanos (HC).

Actividad diferencial de factores de transcripción relevantes en pacientes con GCA

Para identificar TFs con un posible papel relevante en GCA, inferimos las puntuaciones de actividad de TF a partir de los datos de secuenciación de ARN de célula única. Varios TFs involucrados en la inflamación mostraron actividad diferencial entre los subgrupos GCA activa, GCA en remisión y control (Anexo 21-23).

La comparación entre pacientes activos y controles sanos mostró un único TF, MYC, con actividad diferencial y efecto moderado o grande. Este TF, que está involucrado en el control de la proliferación de células T¹⁷⁹, mostró una actividad disminuida en células T_{CM} y GZMK+ de pacientes con GCA activa (Anexo 21).

Por otro lado, la comparación de pacientes en remisión y controles (Anexo 22) mostró menor actividad de TFs relacionados con la vía del factor NF-κB en varios subtipos de células T CD4+, incluyendo NF-κB1 en T_{CM} y Tregs y NF-κB, NF-κB2, Rel y RelA en Tregs. Además, en comparación con controles sanos, las Tregs de pacientes en remisión exhibieron una actividad disminuida de SMAD4, una molécula señalizadora de la vía TGF-β. Curiosamente, todos estos TFs son cruciales para la generación, mantenimiento y función de las Tregs¹⁷⁹⁻¹⁸¹.

En contraposición, cuando se comparó la actividad de TF entre pacientes activos y pacientes en remisión (Anexo 23), dos TFs involucrados en la vía del NF-κB (NF-κB y RelA) mostraron mayor actividad en células T_{EM} de pacientes con GCA activa. En este mismo subtipo celular, también observamos una mayor actividad de HLX, que se ha demostrado que induce IFN-γ en células T CD4+¹⁸². Además, las CTLs de pacientes activos mostraron un aumento de la actividad de TFs

relevantes, incluyendo dos miembros de la familia del factor regulador del interferón (IRF), específicamente IRF5 e IRF6, y KLF13, que es crucial para regular la expresión de CCL5 en células T¹⁸³.

Medicamentos potencialmente reposicionables en GCA

Finalmente, realizamos un análisis de reposicionamiento de fármacos para identificar terapias ya aprobadas que estuvieran dirigidas a DEGs en subtipos específicos de células T CD4+. Basándonos en la expresión diferencial en las tres comparaciones (activos vs. controles, activos vs. en remisión, y en remisión vs. controles), este análisis priorizó 10 medicamentos como potencialmente útiles para el tratamiento de la GCA (Anexo 24), algunos de ellos con un efecto relevante en el contexto de esta vasculitis.

Concretamente, maraviroc estaba dirigido específicamente a los DEGs en CTLs en la comparación de pacientes activos y pacientes en remisión. Este medicamento es un antagonista de CCR5, que es el receptor de CCL5, una quimioquina cuya expresión encontramos aumentada en CTLs de pacientes con GCA activa, como se mencionó anteriormente.

Además, vorinostat, un inhibidor de la histona desacetilasa (HDAC) estaba dirigido a las células T_N. Se ha descrito que vorinostat tiene efectos antiinflamatorios al disminuir los niveles de expresión de citoquinas proinflamatorias, como IFN- γ e IL-17A, y factores de transcripción, como STAT1, STAT3 y RelA¹⁸⁴.

Discusión

El tratamiento principal para la GCA son los GCs en altas dosis; sin embargo, algunos pacientes pueden no responder adecuadamente a esta terapia o pueden experimentar recaídas al reducir la dosis¹⁸⁵. Por lo tanto, la identificación de nuevas pistas sobre la patogénesis de esta vasculitis resulta crucial para desarrollar nuevos enfoques terapéuticos. Nuestros resultados han puesto de manifiesto mecanismos moleculares que se encuentran alterados en pacientes con GCA, incluso después del tratamiento con GCs. Estos mecanismos pueden ser esenciales para identificar vías patogénicas que no están adecuadamente controladas por esta terapia y, en consecuencia, determinar nuevas opciones terapéuticas.

Este atlas de células T CD4+ secuenciadas a nivel de célula única mostró una expansión de las CTLs CD4+ en pacientes activos en relación con aquellos en remisión. Sin embargo, a diferencia de lo descrito en otras enfermedades inmunomediadas, la frecuencia de CTLs fue similar entre pacientes activos e individuos sanos, probablemente debido al efecto del tratamiento con GCs en este subtipo celular. De hecho, mediante citometría de flujo observamos que los pacientes activos sin tratamiento previo mostraban una mayor proporción de células T CD4+ expresando moléculas citotóxicas en comparación con controles y pacientes en remisión. Además, el análisis de expresión diferencial mostró una mayor expresión de genes involucrados en citotoxicidad en CTLs de pacientes activos con respecto a controles sanos y pacientes sin signos de enfermedad, demostrando así que tanto la proporción como la función de las CTLs están alteradas en la fase activa de la enfermedad.

Aunque la actividad citotóxica de las células T CD8+ ha sido ampliamente descrita a lo largo de los años, se sabe menos sobre el mecanismo de acción de los linfocitos T CD4+ con capacidades similares. Sin embargo, debido a la expansión de este subtipo recientemente descrita en diferentes enfermedades inmunomediadas¹⁸⁶⁻¹⁸⁸, el papel de las CTLs CD4+ en autoinmunidad está ganando más relevancia. En este sentido, se ha demostrado que esta subpoblación celular está involucrada en la producción de diferentes citoquinas proinflamatorias, como IFN- γ , IL-1 β y TGF- β ¹⁸⁹, todas relacionadas con la patogénesis de la GCA. Además, se ha descrito que las CTLs CD4+ también juegan un papel en la apoptosis de las células endoteliales¹⁹⁰, lo cual es especialmente relevante en el contexto de la GCA, dado que este proceso está involucrado en la angiogénesis y la remodelación vascular¹⁹¹.

De acuerdo con esto, en nuestro estudio, las CTLs de pacientes activos mostraron mayores puntuaciones de actividad de TFs involucrados en la vía del IFN en comparación con pacientes en remisión. Además, los DEGs en las CTLs de pacientes activos estaban enriquecidos en vías relacionadas con la apoptosis (vía de señalización apoptótica mediada por granzima) y la inflamación (respuesta celular a IL-1, TNF e IFN- γ), respaldando un papel de las CTLs en las alteraciones vasculares y el proceso inflamatorio que ocurre en la GCA. También encontramos un enriquecimiento en la regulación del proceso apoptótico de las células endoteliales entre el conjunto de DEGs en diferentes subpoblaciones celulares de pacientes activos, lo que apunta a una participación directa de varios subtipos de células T CD4+ en la remodelación vascular.

Además, las CTLs CD4+ de pacientes activos también presentaban un aumento de los niveles de expresión de quimioquinas

en comparación con controles sanos así como una mayor actividad de *KLF13*, el TF que regula la expresión de CCL5, con respecto a los pacientes en remisión. De hecho, como se reflejó en el análisis de rutas moleculares, las CTLs parecían estar involucradas en el reclutamiento de diferentes tipos de células, tales como monocitos y células NK, así como en la activación de neutrófilos. Genes involucrados en la activación de los neutrófilos también estaban sobreexpresados en la subpoblación de células T GZMK+ de pacientes en la fase activa de la enfermedad en comparación con aquellos en remisión. Aunque los mecanismos por los cuales los neutrófilos afectan a esta vasculitis no se comprenden completamente, se ha descrito recientemente que podrían contribuir produciendo especies reactivas de oxígeno y trampas extracelulares de neutrófilos, lo que resulta en daño vascular^{65,192}. Nuestros hallazgos subrayan la participación de las células T CD4+ en promover el papel patogénico de los neutrófilos en GCA y enfatizan la importancia potencial de este tipo celular en esta vasculitis.

En conjunto, estos resultados sugieren que las CTLs CD4+ podrían desempeñar un papel significativo en la patogénesis de la GCA y que su utilización como diana terapéutica podría ser de eficacia en el tratamiento de esta vasculitis. En este sentido, el análisis de reposicionamiento de fármacos priorizó el medicamento maraviroc, que bloquea el eje CCR5/CCL5, como un tratamiento potencial dirigido a las CTLs. Este hallazgo es coherente con el papel de este medicamento en la disminución de la inflamación sistémica que se ha descrito recientemente^{193,194}.

Estudios previos han demostrado una expansión clonal de células T CD4+ en las paredes arteriales y en la sangre periférica de pacientes con GCA^{195,196}. Nuestros resultados mostraron una marcada expansión clonal de las CTLs, lo cual es coherente con su papel en la

inmunidad antiviral^{197,198} y con lo descrito en otras enfermedades autoinmunes^{187,189}. Esta expansión clonal de las CTLs era significativamente mayor en pacientes activos, mientras que los pacientes en remisión mostraron una mayor diversidad del repertorio del TCR. Esto concuerda con resultados previos en lupus eritematoso sistémico y artritis reumatoide que muestran un mayor número de clones T expandidos en pacientes durante la enfermedad activa^{199–201}. Sin embargo, la diversidad del TCR entre pacientes activos e individuos sanos era similar. Esta observación podría indicar que el tratamiento con GCs también afecta la expansión clonal y podría ser responsable de la menor expansión observada en pacientes sin síntomas de enfermedad. Sin embargo, resulta necesario el estudio de muestras no tratadas con GCs para validar esta hipótesis. Por otro lado, no se observó solapamiento clonal entre los pacientes con GCA, lo que descartaría la existencia de un clonotipo específico de la enfermedad.

Además de la expansión de CTLs, la comparación de la distribución celular entre pacientes en remisión y controles evidenció una disminución de los porcentajes de otros tipos celulares con un fenotipo efector, T_{CM} y T_{EM} , y una tendencia hacia una mayor frecuencia de T_N . En consecuencia, el análisis de trayectorias mostró que las células de pacientes en remisión presentaban un fenotipo menos diferenciado, lo cual podría reflejar la remisión del proceso inflamatorio en pacientes sin signos de enfermedad.

También se encontró una reducción en el número de Tregs en pacientes con GCA, tanto durante la enfermedad activa como en las fases de remisión. Este hallazgo sugiere que, de acuerdo a lo descrito anteriormente⁴², el tratamiento con GCs no influye en esta subpoblación celular específica en GCA. Cabe destacar que un *subclustering* adicional de Tregs mostró que esta disminución afectaba

específicamente a los *clusters* de Tregs con un fenotipo efector, incluidos aquellos con altos niveles de expresión de moléculas HLA de clase II y quimioquinas involucradas en la migración celular a áreas inflamatorias. Investigaciones previas han demostrado que la expresión de moléculas HLA de clase II identifica un subtipo distinto de Tregs que muestra un fenotipo maduro y una alta actividad reguladora¹⁷⁴. De hecho, se ha demostrado que el bloqueo in vitro del HLA-DR lleva a una pérdida de la capacidad reguladora de las Tregs¹⁷⁸. Estudios recientes han demostrado que las Tregs de pacientes con GCA exhiben una capacidad supresora deteriorada y no pueden controlar la proliferación de células T efectoras de forma óptima²⁰². Nuestros resultados son coherentes con estos hallazgos, ya que observamos que las Tregs de pacientes con GCA exhiben una reducción en la expresión de moléculas involucradas en su actividad reguladora. Además, las puntuaciones de actividad de los TFs involucrados en la función reguladora de las Tregs, incluidos SMAD4 y diferentes subunidades del complejo del factor de transcripción NF- κ B¹⁷⁹⁻¹⁸¹, también estaban disminuidas en Tregs de pacientes en remisión en comparación con controles. Por lo tanto, esta desregulación de la proporción y el transcriptoma de las Tregs podría estar afectando tanto a la función supresora como a la capacidad migratoria de las Tregs a las arterias afectadas en pacientes con GCA.

Nuestro estudio tiene varias limitaciones que deben considerarse. En primer lugar, la administración de GCs a pacientes con GCA podría haber influenciado nuestros resultados; sin embargo, se ha descrito previamente que ciertas vías desreguladas en GCA pueden no responder completamente al tratamiento con GCs⁴². En este sentido, nuestro enfoque ofrece la oportunidad de investigar los mecanismos moleculares que se alteran persistentemente incluso después del tratamiento con GCs y que representan objetivos terapéuticos

particularmente relevantes para mejorar el tratamiento de la GCA. En segundo lugar, nuestro estudio se centró en el análisis de células T CD4+ circulantes y, por lo tanto, estudios adicionales sobre el papel de las células T CD4+ en el tejido arterial de pacientes con GCA mejorarán nuestra comprensión de esta vasculitis.

En conclusión, a través del primer atlas de células individuales de linfocitos T CD4+ de pacientes con GCA, hemos redefinido el papel de este tipo celular en esta vasculitis, resaltando la posible contribución de las CTLs CD4+ a la inflamación y la remodelación vascular que ocurre en esta enfermedad y abriendo nuevas posibilidades terapéuticas. Además, nuestros hallazgos respaldan un defecto cuantitativo de las Tregs en pacientes con GCA y muestran por primera vez una alteración de los genes involucrados en las funciones reguladoras de estas células, lo que podría estar relacionado con su menor capacidad supresora observada en la GCA.

DISCUSIÓN GENERAL

Los avances técnicos y metodológicos recientes han permitido abordar el estudio de las vasculitis sistémicas desde diferentes perspectivas, ofreciendo una visión más completa de su patogénesis y abriendo el abanico a nuevas terapias. Sin embargo, en el caso concreto de la GCA, una de las vasculitis más prevalentes en población europea, los distintos aspectos del desarrollo a nivel molecular y celular de esta enfermedad multifactorial siguen planteando cuestiones sin resolver. Con el propósito de profundizar en el conocimiento de los mecanismos involucrados en la GCA, esta tesis se centró en implementar dos aproximaciones -ómicas distintas: por un lado, un análisis genómico combinando las principales vasculitis sistémicas y, por otro, la exploración del papel de las células T CD4+ en GCA mediante la elaboración de un atlas transcriptómico a nivel de célula única.

Los estudios genómicos combinando distintas enfermedades permiten identificar factores genéticos compartidos que pueden tener un papel determinante en la patogénesis de las enfermedades analizadas, sugiriendo mecanismos moleculares comunes. Por otro lado, la secuenciación a nivel de célula única brinda una resolución sin precedentes de los perfiles de expresión genética en miles de células individuales, desentrañando la heterogeneidad celular y revelando subpoblaciones de células que podrían ser claves en la etiopatogénesis de la enfermedad. Estas aproximaciones no sólo ofrecen una panorámica detallada de la biología subyacente a las enfermedades, sino que también sientan las bases para futuros estudios dirigidos y específicos, los cuales podrían orientarse hacia la validación de las

hipótesis generadas, la identificación de dianas terapéuticas o el esclarecimiento de mecanismos patogénicos complejos.

Nuestro primer objetivo se centró en explorar el solapamiento genético de las principales formas de vasculitis. En este sentido, el hecho de estudiar estas enfermedades en conjunto, y por tanto, disponer de un mayor tamaño muestral, nos permitió identificar 15 nuevos *loci* de susceptibilidad comunes a las distintas vasculitis analizadas, lo que supone un avance muy significativo en la comprensión del componente genético de estas patologías, considerando el bajo número de asociaciones descritas previamente⁸⁷. Los resultados de este estudio son especialmente relevantes en el caso de algunas de estas vasculitis, como la IgAV, para la cual no se ha establecido, hasta el momento, ninguna asociación consistente fuera de la región HLA. En este caso, nuestro estudio identificó tres loci en los que la IgAV contribuía a la señal de asociación, proporcionando nuevos indicios sobre su componente genético.

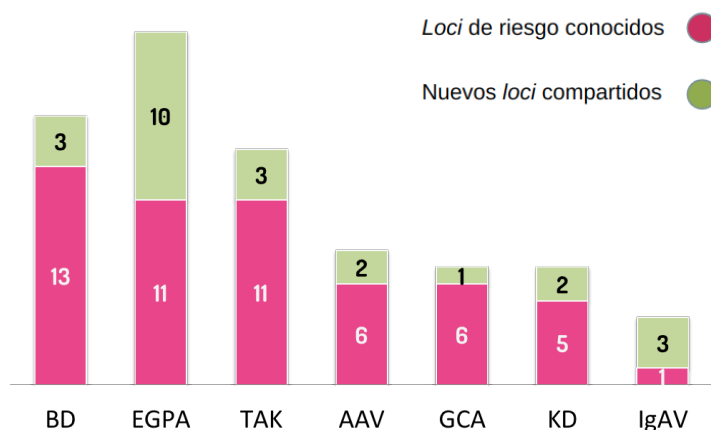


Figura 20. Número de variantes genéticas de riesgo asociadas a vasculitis sistémicas. En verde se muestran las nuevas variantes identificadas en esta tesis. BD: Enfermedad de Behçet; EGPA: Granulomatosis eosinofílica con poliangeítis; TAK: Arteritis de Takayasu; AAV: Vasculitis asociada a ANCA; GCA: Arteritis de células gigantes; KD: Enfermedad de Kawasaki; IgAV; Vasculitis asociada a IgA

En el caso de la GCA, esta vasculitis contribuía a la asociación de tres de las señales compartidas identificadas, dos de ellas previamente asociadas a la GCA y una tercera, localizada en el locus *EGR2/ADO*, que representa un nuevo factor de riesgo para esta vasculitis. Como se ha mencionado, *EGR2*, uno de los genes priorizados en esta señal, juega un papel clave en la función supresora de un subtipo de Tregs denominado Tr1 que no expresan *FOXP3* y se caracterizan por la producción de IL-10^{146,148}. En consonancia con estos resultados, nuestro atlas de células T CD4+ puso de manifiesto una alteración tanto de la función de las Tregs como de la expresión de moléculas involucradas en su función supresora. Aunque el *subclustering* de las Tregs no permitió identificar ningún *subcluster* específico que pudiera ser anotado como células Tr1 en base a su perfil

de expresión génica, el cluster de Tregs incluía un 43% de células FOXP3 negativas, lo que podría sugerir que tanto las Tregs clásicas, esenciales para la fase inicial de inducción de tolerancia, como las Tr1, claves para el mantenimiento de la tolerancia a largo plazo, están alteradas en GCA. Además, estas células Tr1 han sido implicadas en otras vasculitis, concretamente en la IgAV, la cual también contribuía a la señal de asociación identificada en el locus *EGR2* y en la que se ha descrito un defecto en la función supresora de las Tr1¹⁴⁸. Considerados en conjunto, estos hallazgos apoyan el posible papel de las células Tr1 en la patogénesis de la GCA, justificando la realización de estudios adicionales en esta dirección.

Otro *locus* implicado en la función de las Tregs, *CTLA4*, emergió como un nuevo *locus* de riesgo compartido entre AAV y EGPA ANCA-positiva en el estudio combinado de las distintas vasculitis. Este gen juega un papel crucial en la regulación negativa de las células T bloqueando su activación y resulta fundamental para la función de las Tregs, tal como se ha documentado previamente^{203,204}. Recientemente, se ha descrito la participación de *CTLA4* en la patogénesis de la GCA²⁰⁵. En este sentido, nuestros datos de secuenciación a nivel de célula única también revelaron una alteración en este gen, el cual mostró una expresión significativamente disminuida en las células Treg de pacientes con GCA en la fase activa de la enfermedad comparados con individuos sanos, aunque esta disminución era moderada ($\log_2FC = -0.11$). Sin embargo, la GCA no formaba parte del conjunto de enfermedades que contribuían a la señal de asociación identificada en *CTLA4* en nuestro estudio combinado de vasculitis. No obstante, cabe destacar que el *lead SNP* en esta región no estaba incluido en el conjunto de datos de GCA analizado, por lo que no podemos descartar que esta vasculitis también contribuya a la señal de asociación observada. De hecho, analizando en

detalle la región de *CTLA4*, encontramos varios SNPs que mostraban una asociación compartida entre un conjunto de vasculitis que incluía a la GCA, aunque esta asociación no alcanzó la significación genómica ($p=1.46E-05$). Además, variantes genéticas localizadas en la región de *CTLA4* también presentan una asociación sugestiva con GCA en un GWAS más amplio que estamos llevando a cabo actualmente en esta enfermedad y, de hecho, la variante más asociada en esta región (rs55730955; $p=8.28E-06$) afecta a los niveles de expresión de *CTLA4* en distintos tipos celulares y tejidos, incluyendo Tregs, según la base de datos FIVEx (<https://fivex.sph.umich.edu/>). Por tanto, en consonancia con lo descrito en otros estudios, estos hallazgos apoyan la implicación del gen *CTLA4* en la susceptibilidad a la GCA así como un posible papel de las variantes asociadas en la modificación de la expresión de *CTLA4* observada en esta enfermedad. La disminución de este gen en las Tregs parece comprometer su función reguladora, lo que podría potenciar la coestimulación de las células T efectoras, perpetuando así el proceso inflamatorio^{204,206}. Esta teoría sigue la línea que proponen los ensayos clínicos en los que se está utilizando abatacept, que actúa sobre la vía CTLA4-CD80/CD86, como tratamiento para la GCA²⁰⁷.

Por otro lado, como resultado de los estudios llevados a cabo en el transcurso de esta tesis, observamos la presencia incrementada de CTLs CD4+ en pacientes con GCA activa en comparación con controles sanos y pacientes en remisión. Cabe señalar que la expansión de este subtipo celular ha sido previamente identificada en otras enfermedades inmunomediadas^{208,209}. Los estudios apuntan a que este tipo celular surge durante la activación crónica del sistema inmunológico. Su diferenciación a partir de células Th²¹⁰ obedece a la pérdida gradual de la expresión de *CD28*, inducida por repetidas estimulaciones antigénicas posiblemente causadas por infecciones virales latentes como el

citomegalovirus humano, el virus de la hepatitis o el virus de la inmunodeficiencia humana ¹²¹¹⁻²¹⁴. Cabe recordar que, desde hace décadas, se ha relacionado el desarrollo de la GCA con este tipo de infecciones, como ya se mencionó en la introducción de esta tesis doctoral^{215,216}. Debido a esta estimulación antigénica continuada se produce un proceso de expansión clonal en este tipo celular, reduciendo la diversidad de su repertorio antigénico. Esta característica concuerda con nuestros resultados referentes al análisis del repertorio del TCR, en el que observamos que la mayor parte de clones expandidos corresponde al cluster de CTLs²¹⁷.

La función de las CTLs CD4+ en el contexto de la GCA aún no está clara, sin embargo, se ha descrito que su presencia podría estar favoreciendo un entorno proinflamatorio induciendo la proliferación y diferenciación de las células Th cercanas hacia un fenotipo Th17²¹⁸, un subtipo celular con un papel clave en la patogénesis de la GCA²¹⁹. Además, las CTLs CD4+ han sido recientemente implicadas en la apoptosis de las células endoteliales¹⁹⁰, proceso implicado en la angiogénesis y la remodelación vascular que caracteriza a la GCA¹⁹¹. De hecho, se ha descrito que las CTLs presentan una expresión enriquecida de genes implicados en la remodelación del tejido, entre ellos *PLG*¹⁹⁰, uno de los genes consistentemente asociados con GCA en estudios previos⁹⁴ y el cual identificamos como un factor de riesgo compartido entre GCA y EGPA ANCA-negativa en el análisis combinado de vasculitis.

La aparición de las CTLs CD4+ está además ligada al proceso de inmunosenescencia²²⁰, habiéndose observado una proporción aumentada de estas células en individuos de mayor edad^{221,222}. Esto parece apuntar a la existencia de un nexo de unión entre este tipo celular, la inmunosenescencia y el aumento de la incidencia con la edad,

que es el principal factor de riesgo en GCA. Por tanto, resulta necesario continuar investigando el papel específico de las CTLs CD4+ en la GCA y determinar si su presencia puede ser utilizada como un marcador de enfermedad o una potencial diana terapéutica en el tratamiento de esta patología.

Como se ha comentado, a pesar de la eficacia de los GCs para el tratamiento de la GCA, estos resultan en importantes efectos adversos a altas dosis y llevan a la aparición de recaídas cuando las dosis se reducen. Por lo tanto, resulta esencial identificar nuevas opciones terapéuticas para esta vasculitis. Considerando esto, uno de los objetivos de esta tesis ha sido la identificación de medicamentos potencialmente útiles para el tratamiento de la GCA mediante el análisis de reposicionamiento de fármacos. El proceso de descubrimiento de medicamentos presenta diversos obstáculos, como la necesidad de encontrar una diana específica, los efectos no deseados de los tratamientos a largo plazo y la diversidad de los pacientes, que influye en la eficacia del fármaco. A raíz de estas cuestiones, la estrategia de reutilización de medicamentos se presenta como un área novedosa dentro de la industria farmacéutica. Esta estrategia consiste en la identificación de nuevos usos para medicamentos ya existentes, que previamente se habían prescrito para tratar diferentes enfermedades y, por lo tanto, ya han sido evaluados para su uso clínico. Por lo tanto, este enfoque permite economizar tiempo y recursos al brindar nuevas aplicaciones para medicamentos que ya tienen perfiles de seguridad conocidos. En el caso de los estudios genéticos, la identificación de un gen involucrado en una determinada enfermedad y para el cual existe un fármaco ya indicado para otra patología apoyaría la reutilización de ese medicamento en la enfermedad a estudio.

Durante esta tesis, la aplicación de esta estrategia de reorientación de fármacos, tanto a los hallazgos del estudio combinado de vasculitis como al estudio del transcriptoma de linfocitos T CD4+ a nivel de células únicas, ha llevado a la identificación de varios medicamentos potencialmente útiles para el tratamiento de las vasculitis sistémicas. En el caso concreto de la GCA, a partir de los datos de ambos estudios, hemos identificado 23 fármacos potencialmente repositionables en esta vasculitis, algunos de ellos utilizados actualmente en el tratamiento de otras enfermedades autoinmunes, como fostamatinib. Además, en base al perfil de expresión de los CTLs CD4+ observado en pacientes de GCA activos, se identificaron fármacos dirigidos frente a este subtipo celular concreto, como es el caso del maraviroc, que actúa sobre la vía de señalización CCR5/CCL5, la cual estaba alterada en las CTLs. Aunque nuestro análisis no priorizó el sirolimus, también conocido como rapamicina, como potencialmente útil en la GCA, recientemente, se ha demostrado que este medicamento mejora la orbitopatía de Graves a través de la supresión de las CTLs CD4+²²³, las cuales también se encuentran expandidas en esta enfermedad inmunomediada. Por lo tanto, la utilidad de este fármaco en el tratamiento de la GCA también merecería ser explorada.

Además de las dianas de fármacos ya aprobados, nuestros hallazgos han llevado a la identificación de numerosos genes, células y vías moleculares que se encuentran desregulados en GCA y otras vasculitis y que también podrían tenerse en consideración como posibles dianas farmacológicas. Así, nuestro estudio transcriptómico identificó una alteración del número de Tregs así como de su perfil de expresión en pacientes de GCA, incluso tras el tratamiento con GCs. Este hallazgo destaca la importancia de considerar a las Tregs como

una diana prometedora para el desarrollo de tratamientos específicos para la GCA.

PERSPECTIVAS FUTURAS

Los hallazgos obtenidos durante el transcurso de esta tesis doctoral suponen un importante paso adelante en el conocimiento de los factores genéticos implicados en la susceptibilidad a desarrollar tanto la GCA como otras vasculitis sistémicas, así como en la comprensión de los tipos celulares y mecanismos moleculares implicados en su desarrollo. Sin embargo, aún queda un gran camino por recorrer para entender completamente la compleja red molecular que subyace a estas patologías. En este sentido, nuestros resultados abren la puerta a nuevas investigaciones más detalladas que puedan confirmar y expandir nuestro entendimiento de las vasculitis sistémicas.

Como se ha mencionado, una de las principales limitaciones de los estudios genómicos, particularmente en lo que respecta a la potencia estadística y la replicabilidad de los hallazgos, es el tamaño muestral²²⁴. La realización de estudios genéticos a gran escala en grandes cohortes de pacientes y controles no sólo incrementaría la potencia para detectar variantes genéticas de efecto moderado, sino que también podría mejorar la precisión de las asociaciones descritas. En este sentido, actualmente, estamos llevando a cabo un nuevo GWAS en GCA en el que el incremento del tamaño muestral en más del 60% con respecto al GWAS previo ha permitido identificar tres nuevos *loci* de riesgo para esta vasculitis. Además, a partir de estos datos genómicos, se está desarrollando una puntuación de riesgo poligénico (PRS, *polygenic risk score*) que permita predecir la susceptibilidad individual de cada persona a padecer GCA mediante el análisis de su perfil genómico. Actualmente, se están desarrollando PRS para una gran cantidad de enfermedades consideradas individualmente²²⁵. No

obstante, también se está probando la utilidad de esta estrategia para la realización de un diagnóstico diferencial entre enfermedades relacionadas²²⁶, lo cual sería de gran interés en el caso de las vasculitis .

Debido a la compleja red molecular implicada en el desarrollo de las vasculitis sistémicas, es necesario ampliar el campo de investigación para comprender a fondo el proceso inmunopatogénico subyacente a estas enfermedades y a la GCA en concreto. En este contexto, el estudio del transcriptoma a nivel de célula única en células T CD4+ ha supuesto una herramienta poderosa para desentrañar la heterogeneidad de este tipo celular y entender las dinámicas de expresión génica a un nivel más detallado.

Continuando con la metodología aplicada en esta tesis doctoral, actualmente estamos llevando a cabo un análisis del transcriptoma a nivel de célula única en monocitos CD14+ de pacientes de GCA y controles, ya que estas células juegan un papel fundamental tanto en las primeras fases de la patogénesis de la GCA, produciendo tanto IL-6 como MMP-9 en sangre periférica⁴⁶, como al invadir el tejido arterial, donde se diferencian a macrófagos y se fusionan para dar lugar a las células gigantes características de la GCA. De esta forma podremos afinar el papel de los monocitos en esta vasculitis, complementado así los resultados de un estudio previo llevado a cabo por nuestro grupo en el que se ha caracterizado el metiloma de los monocitos de pacientes de GCA, identificando múltiples alteraciones en genes implicados en el proceso inflamatorio¹⁶⁶.

Es importante destacar que, si bien cada estudio ofrece una perspectiva valiosa por sí mismo, es la combinación de los distintos enfoques -ómicos la que proporciona una visión más integrada y completa de lo que ocurre a nivel molecular durante un proceso patogénico. En los últimos años, el principal desafío de los GWAS ha sido la interpretación de sus resultados desde una perspectiva biológica, principalmente debido a la dificultad de identificar variantes causales y a que la mayoría de las variantes asociadas a enfermedades complejas se localizan en regiones no codificantes del genoma. Para abordar esta limitación, la integración de datos genómicos con otra información -ómica, como datos epigenómicos y transcriptómicos, se ha convertido en un enfoque útil para desentrañar los mecanismos subyacentes a las enfermedades complejas^{227,228}. En este sentido, uno de los estudios que se pretenden llevar a cabo próximamente es la caracterización funcional de las variantes genéticas asociadas a la GCA mediante la integración de los datos genómicos de pacientes con esta vasculitis con los datos del transcriptoma a nivel de célula única de monocitos y células T CD4+ así como con los datos epigenéticos generados.

Recientemente, el desarrollo de nuevos algoritmos informáticos, como el paquete de R NicheNet o el software scDRS, permite utilizar nuevos enfoques de integración de datos -ómicos. Por un lado, la herramienta scDRS correlaciona la expresión génica de cada célula incluida en el estudio con los genes más asociados a la patología según los resultados de un GWAS, estableciendo una puntuación de relevancia de las células respecto a la enfermedad (*single cell disease relevance score*, scDRS)²²⁹. Este análisis nos permitirá establecer qué subtipos celulares participan más en el desarrollo de la enfermedad, y con ello, identificar qué rutas moleculares están más afectadas. Por otro lado, el análisis integrado de nuestros datos transcriptómicos de

linfocitos T CD4+ y monocitos CD14+ con datos epigenéticos mediante NicheNet nos permitirá explorar las interacciones entre ambos tipos celulares, infiriendo la comunicación célula a célula^{230,231}. Así, una mejor comprensión de la interacción entre distintos datos -ómicos nos permitirá obtener una imagen más clara de la red molecular involucrada en la patogénesis de la GCA, de manera que podamos trasladar el conocimiento biológico básico hacia nuevos enfoques diagnósticos y terapéuticos.

Por otra parte, los estudios realizados en sangre periférica pueden ser indicativos de la actividad patológica en pacientes y su obtención es relativamente sencilla. Además, es posible recolectar muestras sanguíneas en diferentes momentos temporales del mismo paciente, lo que abriría la posibilidad de realizar estudios longitudinales. No obstante, para obtener un panorama más detallado de la patología subyacente y establecer un contexto adecuado de la enfermedad, es esencial analizar el tejido directamente afectado, como la arteria temporal en el caso de la GCA.

Para explorar esta vía de investigación se ha planteado el uso de tecnologías multiómicas como el análisis combinado del perfil de expresión y de accesibilidad de la cromatina en biopsias de la arteria temporal. Esta aproximación permitirá una visión más profunda de la heterogeneidad celular presente en el tejido arterial en pacientes de GCA en términos de regulación epigenética.

Por último cabe mencionar los últimos avances en el campo de la transcriptómica, la denominada transcriptómica espacial. Esta tecnología emergente lleva el análisis de la expresión génica un paso más allá, permitiendo no sólo identificar qué genes están siendo expresados, sino también su localización dentro de un tejido o incluso

en un organismo completo. Este enfoque resulta fundamental para entender la complejidad biológica desde una perspectiva tridimensional, considerando la organización espacial y la heterogeneidad de la expresión génica en el contexto del propio tejido²³². Por lo tanto, la aplicación de esta estrategia a la GCA brindará una visión detallada de la heterogeneidad y la organización espacial de las células en el tejido afectado. Esto facilitará la identificación de subpoblaciones celulares relevantes, patrones de expresión génica específicos y posibles interacciones entre células, contribuyendo significativamente a nuestra comprensión de la patogénesis de esta vasculitis.

CONCLUSIONES

1. El mayor estudio del solapamiento genético entre las vasculitis sistémicas realizado hasta la fecha identificó 15 nuevos *loci* de susceptibilidad compartidos entre las principales formas de vasculitis, incluyendo un nuevo *locus* de riesgo para la GCA, evidenciando mecanismos patogénicos comunes a estas enfermedades.
2. La anotación funcional de las asociaciones compartidas identificadas llevó a la priorización de genes causales con un efecto potencial en vasculitis.
3. Las variantes pleiotrópicas mostraron un papel regulador en monocitos y células NK, B y T CD4+, lo que sugiere la relevancia de estos tipos celulares en los mecanismos patogénicos comunes a las vasculitis.
4. La elaboración del primer atlas transcriptómico de linfocitos T CD4+ a nivel de célula única en pacientes con GCA evidenció una expansión de las células T CD4+ citotóxicas y una reducción del número de células T reguladoras efectoras en pacientes con esta vasculitis.
5. Los análisis de expresión diferencial revelaron un defecto en la capacidad supresora de las células T reguladoras, así como una mayor capacidad citotóxica y de quimiotaxis de las células T CD4+ citotóxicas en pacientes con GCA, sugiriendo un papel patogénico de ambos tipos celulares en esta vasculitis.
6. Se identificó una menor diversidad del repertorio del TCR en las células T CD4+ citotóxicas de pacientes con GCA activos frente a aquellos en remisión, indicando una clonalidad aumentada de este tipo celular en la fase aguda de la enfermedad.

7. Los hallazgos de ambos estudios llevaron a la identificación de nuevas dianas terapéuticas potenciales y fármacos potencialmente reposicionables para el tratamiento de la GCA y otras vasculitis sistémicas.

MATERIAL SUPLEMENTARIO 1 - (ANEXOS)

Anexo 1. Criterios de Clasificación 2022 ACR/EULAR para la arteritis de células gigantes. Extraído de Ponte C, et al³²

2022 AMERICAN COLLEGE OF RHEUMATOLOGY / EULAR

CLASSIFICATION CRITERIA FOR **GIANT CELL ARTERITIS**

CONSIDERATIONS WHEN APPLYING THESE CRITERIA

- These classification criteria should be applied to classify the patient as having giant cell arteritis when a diagnosis of medium-vessel or large-vessel vasculitis has been made
- Alternate diagnoses mimicking vasculitis should be excluded prior to applying the criteria

ABSOLUTE REQUIREMENT

Age \geq 50 years at time of diagnosis

ADDITIONAL CLINICAL CRITERIA

Morning stiffness in shoulders/neck	+2
Sudden visual loss	+3
Jaw or tongue claudication	+2
New temporal headache	+2
Scalp tenderness	+2
Abnormal examination of the temporal artery ¹	+2

LABORATORY, IMAGING, AND BIOPSY CRITERIA

Maximum ESR \geq 50 mm/hour or maximum CRP \geq 10 mg/liter ²	+3
Positive temporal artery biopsy or halo sign on temporal artery ultrasound ³	+5
Bilateral axillary involvement ⁴	+2
FDG-PET activity throughout aorta ⁵	+2

Sum the scores for 10 items, if present. A score of \geq 6 points is needed for the classification of **GIANT CELL ARTERITIS.**

1. Examination of the temporal artery showing absent or diminished pulse, tenderness, or hard 'cord-like' appearance.
2. Maximum erythrocyte sedimentation rate (ESR) or C-reactive protein (CRP) values prior to initiation of treatment for vasculitis.
3. Presence of either definitive vasculitis on temporal artery biopsy or halo sign on temporal artery ultrasound. There are no specific histopathologic criteria to define definitive vasculitis on temporal artery biopsy. Presence of giant cells, mononuclear leukocyte infiltration, and fragmentation of the internal elastic lamina were independently associated with histopathologic interpretation of definite vasculitis in the DCVAS cohort³³. Halo sign is defined by the presence of an homogenous, hypoechoic wall thickening on ultrasound³⁴.

4. Bilateral axillary involvement is defined as luminal damage (stenosis, occlusion, or aneurysm) on angiography (computed tomography, magnetic resonance, or catheter-based) or ultrasound, halo sign on ultrasound, or fluorodeoxyglucose uptake on positron emission tomography.
5. Abnormal fluorodeoxyglucose (FDG) uptake in the arterial wall (e.g., greater than liver uptake by visual inspection) throughout the descending thoracic and abdominal aorta on positron emission tomography (PET).

Anexo 2. Resumen de las cohortes que fueron reimputadas antes del “cross-phenotype” meta-análisis.

	Antes del Control de Calidad				Tras el Control de Calidad	
	Total N (casos/controles)	Cohortes	Número de casos	Número de controles	Total N (casos/controles)	SNPs Analizados
GCA	2.205 / 9.226	<i>España</i>	811	1.326	2.134 / 9.125	3.416.852
		<i>Reino Unido</i>	356	3.004		
		<i>Italia</i>	283	960		
		<i>Estados Unidos</i>	180	1.225		
		<i>Alemania</i>	166	670		
		<i>Francia</i>	118	488		
		<i>Noruega</i>	111	122		
		<i>Holanda</i>	84	643		
		<i>Suiza</i>	59	500		
		<i>Irlanda</i>	37	288		
<i>BD_{GWAS}</i>	1.215 / 1.278	<i>Turquía</i>	1.215	1.278	1.206 / 1.271	3.673.998
<i>AAV</i>	1.233 / 5.884	<i>Reino Unido</i>	1.233	5.884	914 / 5.259	7.379.749

Anexo 3. Análisis de enriquecimiento de dianas terapéuticas.

Número de genes-productos priorizados^a	157
Número de genes-productos priorizados que son dianas terapéuticas en autoinmunidad^b	12
Número de genes-productos no relacionados que son dianas terapéuticas en autoinmunidad^c	746
Número de genes-productos no relacionados y dianas terapéuticas fuera de autoinmunidad^d	20.360
P-valor de la prueba exacta de Fisher	1,57E-02
OR de la prueba exacta de Fisher (IC 95%)	2,19 (1,10-3,97)

a Genes diana del análisis de anotación funcional.

b Genes diana del análisis de anotación funcional que son dianas terapéuticas para enfermedades autoinmunes.

c Genes-productos que son dianas terapéuticas para enfermedades autoinmunes pero que no se relacionan en nuestro estudio.

d Genes-productos que no se relacionan en nuestro estudio ni son dianas terapéuticas para enfermedades autoinmunes.

Anexo 4. Anotación y predicción del efecto de las variantes exónicas asociadas a los lead SNPs pleiotrópicos.

Región genómica	Lead SNP	SNP	DL (r2)	Anotación		Gen	SIFT	Polyphen
2q13	rs144569746	rs113135335	0,99	exónica	no sinónima	BCL2L11	0	0,159
5q31.1	rs128738	rs40401	0,62	exónica	no sinónima	IL3	0,11	0,369
6q26	rs4252120	rs4757	0,95	exónica	sinónima	PLG	-	-
6q26	rs4252120	rs13231	0,98	exónica	sinónima	PLG	-	-
6q26	rs4252120	rs4252125	1	exónica	no sinónima	PLG	0,61	0

SNP, polimorfismo de un solo nucleótido; DL, desequilibrio de ligamiento.

Anexo 5. Genes causales priorizados en cada locus pleiotrópico mediante la anotación funcional con FUMA.

Región	Gen	Lead SNP	Genes por proximidad	Genes por eQTL	Genes por sQTL	Genes por IC	Genes por eQTL + IC	Genes por eQTL + promotor
1p31.3	IL23R/ IL12RB2	rs11209039	IL12RB2	IL23R, MIER1, SLC35D1		C1orf141		
1q32.1	IL10	rs3024490	IL10	IL10, IL19, IL24, FAIM3		IL19, FCMR, PIGR, FCAMR, C1orf116, YOD1, PFKB2, CR1, CR2, MAPKAPK2	IL19	YOD1, PFKB2, CR1, CR2, MAPKAPK2
2q13	BCL2L11	rs72836352	ACOXL, BCL2L11	BCL11A, BCL2L11, C3AR1, CPVL, CSFR1, FAM46A, LARGE, MS4A14, MS4A7, MTSS1, PEA15, TNFRSF8		ACOXL		BCL2L11
2q33.2	CTLA4	rs62184865	CTLA4	CTLA4				
3p21.31	CCR3	rs2087726	CCR1, CCR3	ABCB1, AGAP1, AUTS2, CAMTA1, CCR1, CCR2, CCR3, CCR5, CCR9, CCRL2, CFH, COLQ, CXCR6, CYP2E1, CYTH3, DPP4, ELOVL4, FYCO1, GZMK, IL7R, KDSR, KLRB1, LTK, LZTFL1, NCALD, RORA, RORC, SACM1L, SLAMF1, SMAD3, SYTL2, TDGF1, XCR1	LZTFL1, FYCO1, CCR3	CCR1, CCR2, CCR5, CCR9, CCRL2, CXCR6, FYCO1, LZTFL1, SACM1L, XCR1	CCR1, CCR2, CCR5, CCR9, CCRL2, CXCR6, FYCO1, LZTFL1, SACM1L, XCR1	
4p16.2	CPLX1	rs4690319	CPLX1	CPLX1, CRIPAK, DGKQ, GAK, IDUA, MFSD7, MYL5, PCGF3, TMEM175, UVSSA				
5q22.1	TSLP	rs1837253	TSLP					
5q31.1	P4HA2	rs128738	C5orf56, CSF2, IL3, P4HA2	ACSL6, C5orf56, CDC42SE2, FNIP1, HINT1, LYRM7, P4HA2, RAD50, RAPGEF6, SLC22A4, SLC22A5	P4HA2, CDC42SE2, HINT	C5orf56, PDLIM4, RAD50, RAPGEF6, SLC22A5	C5orf56, RAD50, RAPGEF6, SLC22A5	

5q31.1	IRF1	rs6894249	C5orf56, IRF1, P4HA2	ACSL6, AFF4, ALDH1A1, APBA2, C1QA, C1QB, C5orf56, CACNA2D3, CTSL, CYP2S1, CYP4F22, DDX58, EPB41L3, FAM26E, IL15, IL5, IRF1, KCNMA1, LAP3, LGALS3BP, MYOF, P4HA2, PDE7B, RAD50, SLC22A4, SLC22A5, STAT1, TCN2, TRANK1, TSPAN2, VAMP5, WARS	P4HA2, RAD50, IRF1, SLC22A4	AFF4, C5orf56, CCNI2, GDF9, HSPA4, IL13, IL4, IL5, IRF1, KIF3A, LEAP2, PDL1M4, RAD50, SEPT8, SHROOM1, SLC22A5, SOWAHA, UQCRO, ZCCHC10	AFF4, C5orf56, IL5, IRF1, RAD50, SLC22A5	IL5, IRF1
5q33.3	IL12B	rs7725339	IL12B	NSMCE1, RNF145		RNF145, UBLCP1	RNF145	
5q33.3	IL12B	rs60689680		RNF145		ADRA1B, C5orf54, RNF145, TTC1, UBLCP1	RNF145	
6q26	PLG	rs4252120	PLG			AGPAT4, MAP3K4, PLG		
6q23.3	IFNGR1	rs4896243	IFNGR1, IL22RA2	IFNGR1		IFNGR1, TNFAIP3, IL20RA	IFNGR1	IFNGR1
8p21.2	PTK2B	rs73223431	PTK2B	CHRNA2, CTNNA1, EPHX2, PTK2B, TRIM35	PTK2B	CLU, PTK2B, TRIM35	PTK2B, TRIM35	PTK2B, TRIM35
10q21.2	ZNF365/ADO	rs10995248	ZNF365	ADO, EGR2, RTKN2		ADO, ARID5B, EGR2, JMJD1C, NRBF2	ADO, EGR2	
21q22.2	chr21q22	rs2242944		ETS2, HMG1, LCA5L, WRB		ETS2	ETS2	

eQTL, loci de rasgo cuantitativo de expresión; sQTL, loci de rasgo cuantitativo de empalme; CI, interacción cromatínica. Los genes nominados por eQTL + promotor y también con CI se destacan en negra.

Anexo 6. Resultados del análisis de enriquecimiento de marcas de histonas del conjunto de variantes pleiotrópicas considerando MPO- y PR3-AAV como fenotipos independientes.

Tipo de célula	Marcas de histonas en enhancers			Marcas de histonas en promotores			Marcas de histonas en genes accesibles		
	H2BK20ac	H3K4me1	H3K27ac	H3K4ac	H3K4me2	H3K4me3	H3K9ac	H2BK15ac	H3K79me1
CD14_Primary_Cells	3,10E-05	2,55E-04	6,94E-04	1,16E-05	1,28E-04	9,44E-03	5,43E-05	7,94E-04	1,29E-02
CD15_Primary_Cells	2,85E-02	3,64E-04	2,82E-05	9,72E-05	3,97E-04	2,82E-02	2,47E-03	9,70E-01	3,29E-02
CD19_Primary_Cells_Cord_BI	1,87E-03	7,45E-05	1,45E-05	4,06E-05	1,76E-04	5,58E-03	6,48E-03	-	3,52E-04
CD19_Primary_Cells_Peripheral_UW	1,73E-06	1,22E-04	5,34E-05	6,32E-05	1,28E-04	6,81E-03	5,83E-03	1,27E-02	9,20E-04
CD3_Primary_Cells_Cord_BI	9,63E-01	5,37E-04	9,14E-05	4,84E-01	2,70E-03	8,15E-02	2,59E-01	-	2,21E-01
CD3_Primary_Cells_Peripheral_UW	1,13E-05	8,66E-04	6,10E-04	3,06E-04	1,32E-04	1,26E-02	2,82E-04	2,56E-05	2,92E-03
CD34_Cultured_Cells	1,19E-03	1,05E-03	2,04E-04	1,95E-03	2,46E-03	2,87E-03	3,04E-02	-	1,19E-01
CD34_Primary_Cells	9,67E-01	1,55E-03	7,41E-05	2,66E-05	7,14E-04	1,03E-02	2,77E-01	-	2,78E-01
CD4_Memory_Primary_Cells	8,23E-04	3,47E-04	1,36E-05	5,03E-04	7,26E-04	1,58E-02	6,98E-03	1,94E-02	2,24E-02
CD4_Naive_Primary_Cells	5,68E-02	8,62E-04	6,26E-04	1,02E-01	6,98E-04	1,15E-02	2,22E-02	9,80E-01	8,07E-01
CD4+_CD25-_CD45RA+_Naive_Primary_Cells	1,82E-01	7,26E-04	6,61E-04	1,42E-02	3,20E-04	2,00E-02	1,52E-02	6,67E-01	2,24E-01
CD4+_CD25-_CD45RO+_Memory_Primary_Cells	3,54E-03	3,40E-04	2,73E-05	3,74E-03	8,89E-05	1,22E-02	2,11E-03	9,56E-01	6,59E-02
CD4+_CD25-_IL17-_PMA-Ionom_stim_purified_Th_Primary_Cells	5,00E-09	1,11E-04	3,74E-04	1,97E-05	3,09E-05	1,55E-02	1,41E-03	4,16E-07	2,17E-03
CD4+_CD25-_IL17+_PMA-Ionom_stim_Th17_Primary_Cells	1,20E-04	3,00E-04	2,16E-04	1,66E-04	2,11E-04	7,86E-03	6,32E-04	6,88E-05	1,36E-02
CD4+_CD25-_Th_Primary_Cells	2,43E-04	5,77E-04	4,95E-04	1,84E-02	9,44E-04	1,88E-02	3,78E-02	9,66E-01	2,73E-02
CD4+_CD25+_CD127-_Treg_Primary_Cells	2,63E-04	6,45E-05	1,04E-04	8,66E-04	1,39E-04	4,52E-03	8,39E-03	9,63E-01	9,34E-02
CD4+_CD25int_CD127+_Tmem_Primary_Cells	1,69E-03	1,17E-03	1,41E-04	1,30E-02	3,67E-05	1,61E-02	4,17E-03	9,49E-01	1,34E-01
CD56_Primary_Cells	9,50E-05	2,56E-04	1,59E-04	1,38E-04	7,90E-04	3,37E-04	4,47E-04	1,04E-04	1,26E-02
CD8_Memory_Primary_Cells	3,72E-04	2,99E-05	6,09E-05	7,88E-03	2,07E-04	1,40E-02	4,30E-02	9,52E-01	7,48E-03
CD8_Naive_Primary_Cells	3,24E-01	6,03E-04	2,66E-05	1,08E-01	3,56E-03	1,48E-02	3,05E-02	1,99E-01	2,64E-01
Mobilized_CD34_Primary_Cells_Female	8,83E-04	2,40E-04	2,79E-04	2,98E-03	8,79E-04	2,66E-03	2,47E-03	7,58E-01	2,00E-01
Mobilized_CD34_Primary_Cells_Male	1,06E-03	9,57E-04	8,85E-05	1,41E-02	7,79E-03	1,89E-03	7,25E-04	9,68E-01	4,53E-02
Monocytes-CD14+_RO01746	9,57E-01	2,28E-04	8,74E-03	7,07E-02	4,77E-03	1,42E-02	2,69E-01	9,75E-01	2,85E-01

Anexo 7. Características demográficas y clínicas de los individuos incluidos en el análisis de secuenciación de ARN a nivel de células única.

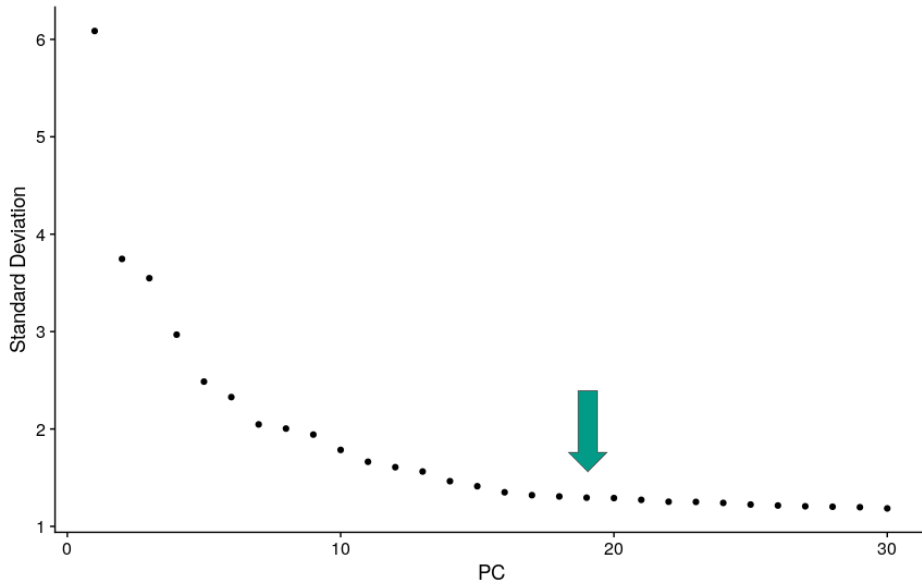
Donante	Edad	Sexo	Estado enfermedad	GCs	PMR	Manifestaciones visuales	PCR (mg/L)	VSG
GCA1	69	F	Activa	5 mg	Sí	No	111	120
GCA2	85	F	Activa	30 mg	Sí	Sí	100	110
GCA3	82	F	Remisión	7,5 mg	No	No	8,4	97
GCA4	74	F	Activa	9 mg	Sí	No	85	100
GCA5	82	F	Remisión	6 mg	Sí	No	224	70
GCA6	81	F	Activa	30 mg	Sí	No	476	123
GCA7	77	M	Remisión	5 mg	Sí	No	14	51
GCA8	75	F	Activa	50 mg	Sí	No	127	75
HC1	71	F	NA	NA	NA	NA	NA	NA
HC2	70	M	NA	NA	NA	NA	NA	NA
HC3	85	F	NA	NA	NA	NA	NA	NA
HC4	71	M	NA	NA	NA	NA	NA	NA
HC5	90	F	NA	NA	NA	NA	NA	NA
HC6	89	F	NA	NA	NA	NA	NA	NA
HC7	81	F	NA	NA	NA	NA	NA	NA
HC8	87	F	NA	NA	NA	NA	NA	NA

GCs: Glucocorticoides; PMR: Polimialgia reumática; PCR: Proteína C reactiva; VSG: Velocidad de sedimentación globular; GCA: Arteritis de células gigantes; HC: Individuos control.

Anexo 8. Resumen de los principales datos del control de calidad obtenidos con Cell Ranger tras la secuenciación.

Donante	Estado enfermedad	Nº de células	Media de reads por célula	Media de genes por célula	Total genes detectados	Media UMI counts por célula	Número de doublets priorizados	Número de células tras QC
GCA1	Activo	12620	15362	1142	19558	3319	748	8487
GCA2	Activo	9704	23832	1425	19547	4418	617	7832
GCA3	Remisión	8079	38924	1253	20343	4119	439	6746
GCA4	Activo	9751	29650	937	19696	2941	503	6423
GCA5	Remisión	4462	58091	1169	18374	3742	130	3819
GCA6	Activo	7023	41408	1115	19945	3218	291	5101
GCA7	Remisión	6419	44622	1170	18714	3767	258	5006
GCA8	Activo	10143	26623	962	19696	2560	538	6546
HC1	-	7557	28045	1268	19359	3946	358	5914
HC2	-	7845	31133	1235	19507	3865	417	6652
HC3	-	11608	17421	1238	19497	3756	840	9656
HC4	-	8264	35419	1216	19848	3912	439	6636
HC5	-	10376	25683	1124	19574	3453	704	8431
HC6	-	9810	25907	1213	19483	3804	663	8174
HC7	-	10944	29610	1274	20027	4194	770	8853
HC8	-	12313	22043	1107	19996	3445	928	10523

Anexo 9. Variabilidad acumulada de los primeros 30 componentes principales representada mediante un gráfico tipo “Elbow plot”

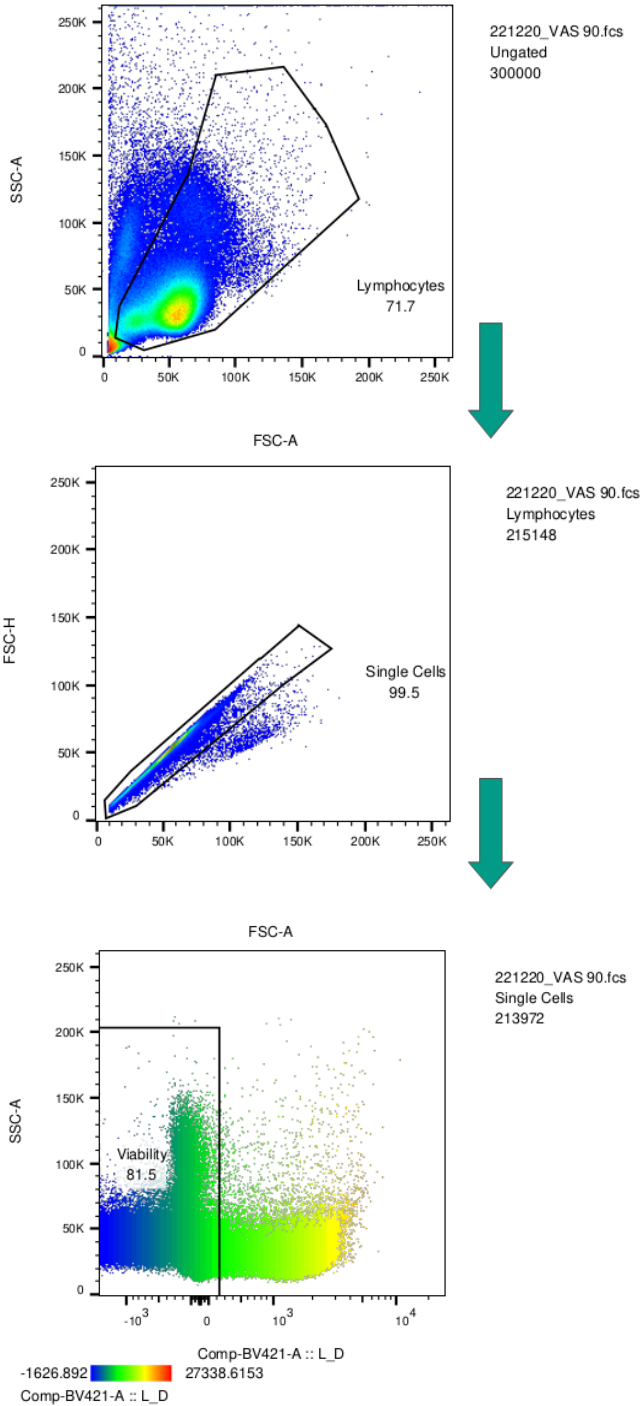


Anexo 10. Características demográficas y clínicas de los individuos incluidos en el análisis de citometría de flujo.

Donante	Edad	Sexo	Estado enfermedad	GCs	PMR	Manifestaciones visuales	PCR [mg/L]	VSG
VAS20	65	M	ACT	-	No	No	120	70
VAS49	76	F	ACT	-	No	Sí	25	47
VAS51	86	F	ACT	-	Sí	No	55	46
VAS57	84	M	ACT	-	No	Sí	11	100
VAS64	82	M	ACT	-	No	No	32	70
VAS68	80	F	ACT	-	No	No	90	111
VAS86	67	M	ACT	-	No	No	107	91
VAS91	85	M	ACT	-	No	No	74	120
VAS7	68	F	RNT	-	No	No	1	25
VAS10	72	F	RNT	-	No	No	1	14
VAS28	78	F	RNT	-	No	No	10	18
VAS30	81	F	RNT	-	No	No	4	6
VAS59	83	F	RNT	-	No	No	1	17
VAS90	87	F	RNT	-	No	No	4	29
VAS6	83	F	RT	5-10 mg	No	No	19	36
VAS16	81	F	RT	5-10 mg	No	No	3	33
VAS17	85	M	RT	5-10 mg	No	No	3	16
VAS41	84	M	RT	5-10 mg	No	No	1	10
VAS44	81	F	RT	5-10 mg	No	No	1	5
VAS45	76	F	RT	5-10 mg	No	No	4	16
VAS105	84	F	RT	5-10 mg	No	No	1	19
VAS109	77	F	RT	5-10 mg	No	No	1	9
VAS26	71	M	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS43	68	F	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS53	65	M	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS56	84	F	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS58	84	F	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS62	69	F	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS63	72	M	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS77	62	F	HC	NA	NA	NA	NA	NA
VAS84	70	F	HC	NA	NA	NA	NA	NA

GCs: Glucocorticoides; PMR: Polimialgia reumática; CRP: Proteína C reactiva; ESR: Velocidad de sedimentación globular; ACT: Activos no tratados; RNT: Remisión sin tratamiento; RT: Remisión con tratamiento; HC: Individuos control.

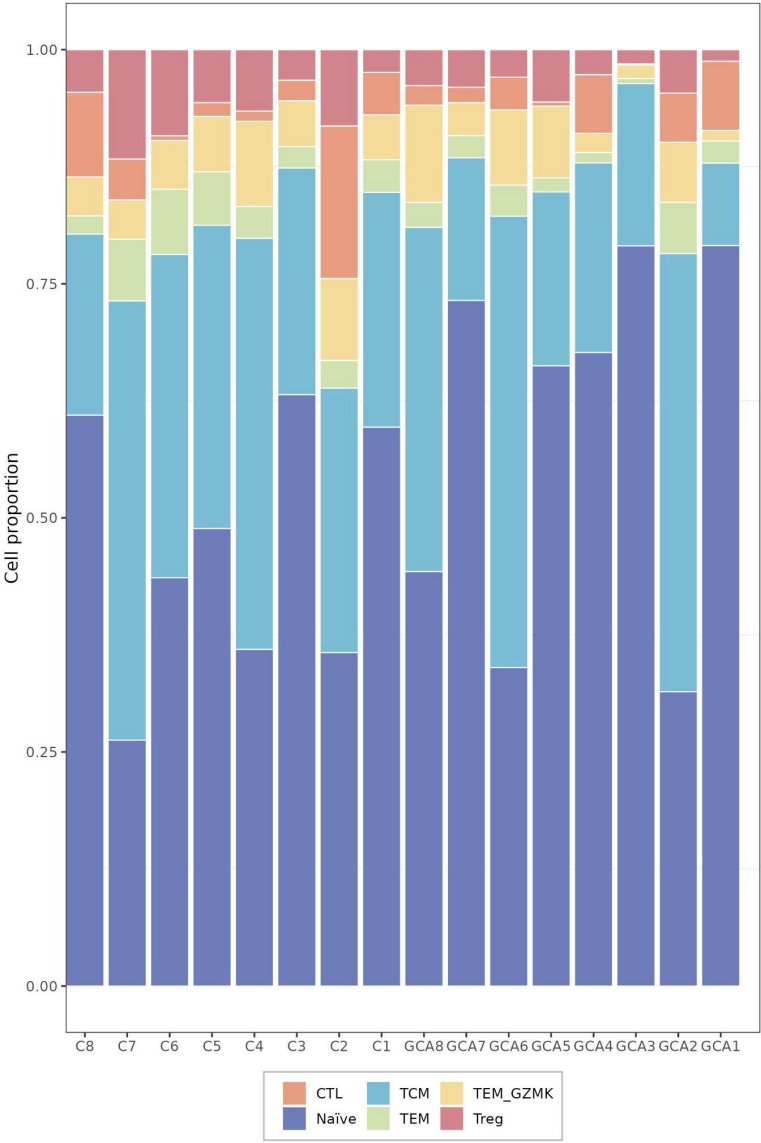
Anexo 11. Ejemplificación del control de calidad en la selección de linfocitos CD4+ mediante citometría de flujo



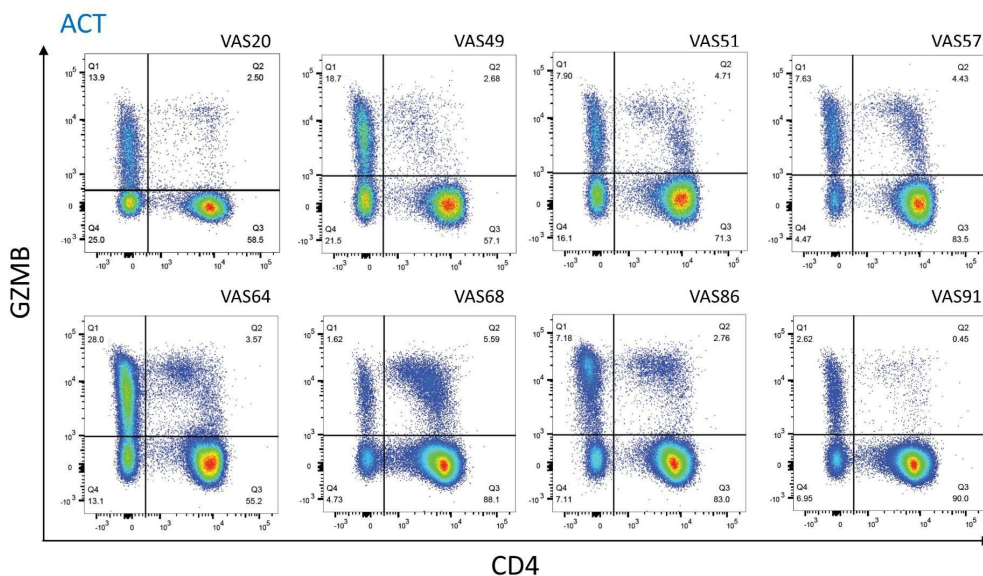
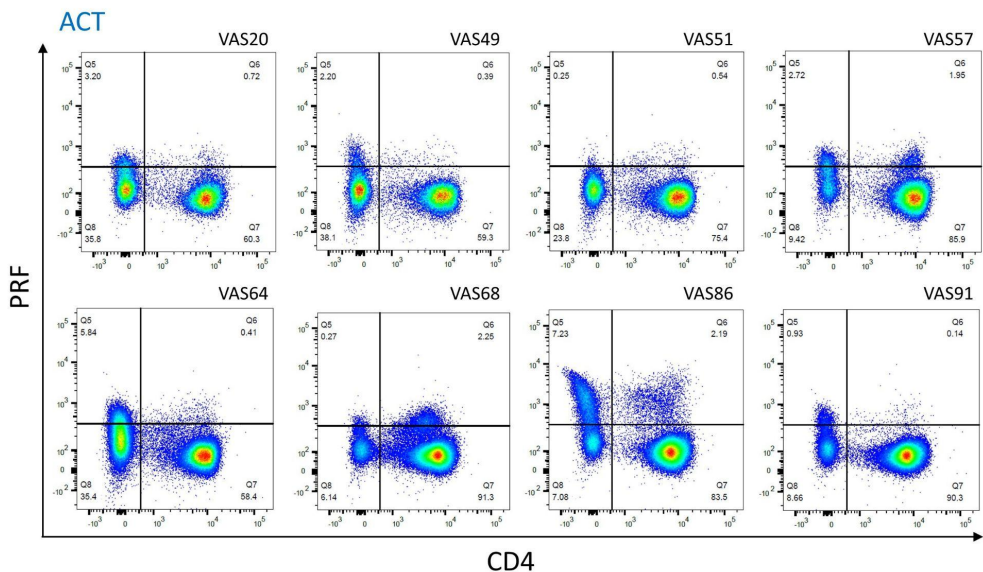
Anexo 12. Resumen de los datos de secuenciación del TCR a nivel de célula única.

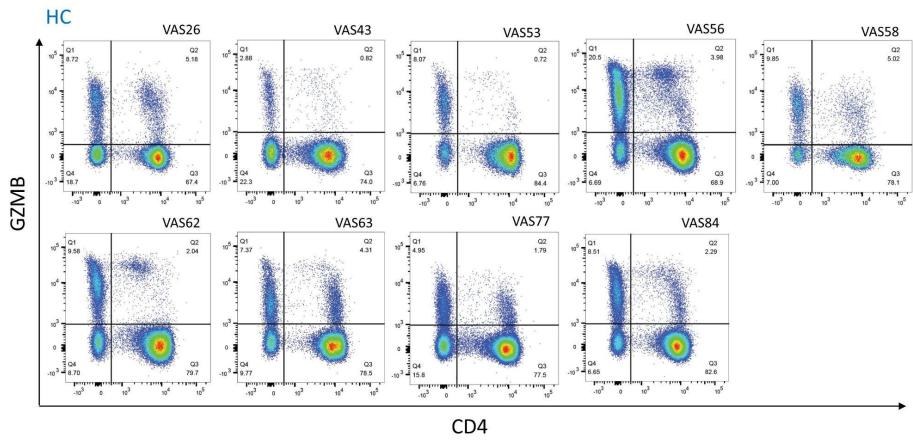
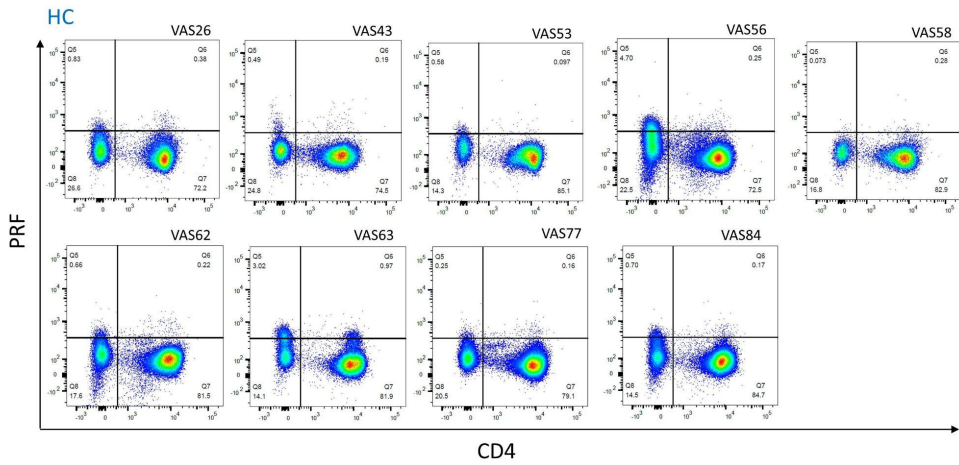
Donante	Estado enfermedad	Número de células	Lecturas medias por célula	Número de células con par V-J Productivo	Número de células con clonotipos
GCA1	Activo	9274	5599	6856	5983
GCA2	Activo	8328	7045	6283	5534
GCA3	Remisión	6737	6771	5127	4667
GCA4	Activo	6772	7813	4109	3390
GCA5	Remisión	3817	13014	2782	2585
GCA6	Activo	5616	8209	4590	4000
GCA7	Remisión	5223	10508	3883	3509
GCA8	Activo	7183	6411	5546	4652
HC1	-	6129	7668	4486	4075
HC2	-	6900	7588	5655	5162
HC3	-	10111	5418	7511	6699
HC4	-	7169	6528	5707	5073
HC5	-	9078	5428	7405	6513
HC6	-	8910	4959	7073	6285
HC7	-	9719	5152	7359	6385
HC8	-	10662	4115	8049	7240

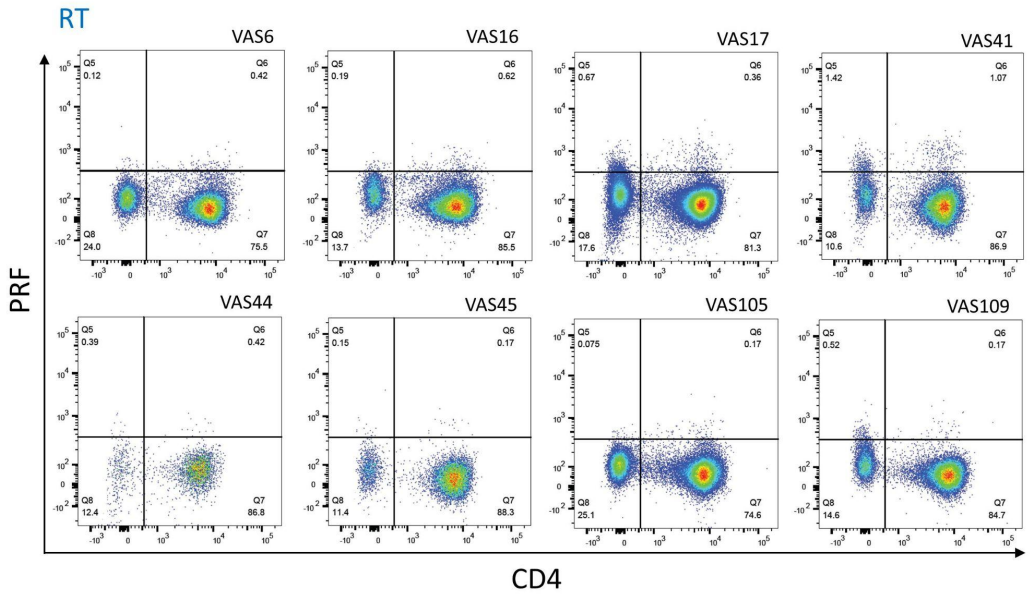
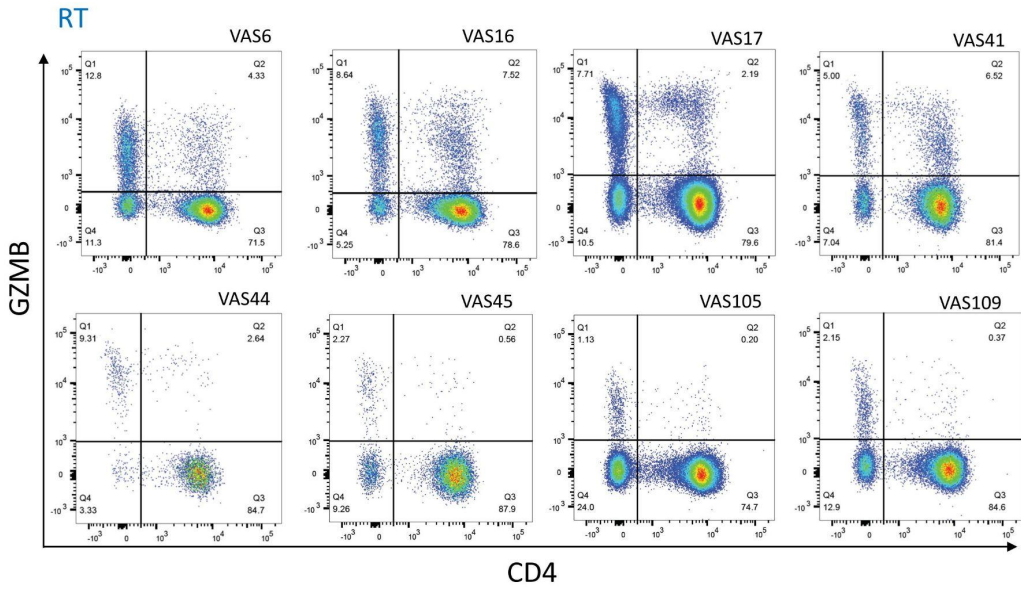
Anexo 13. Composición porcentual de los distintos tipos celulares desglosado por individuo.

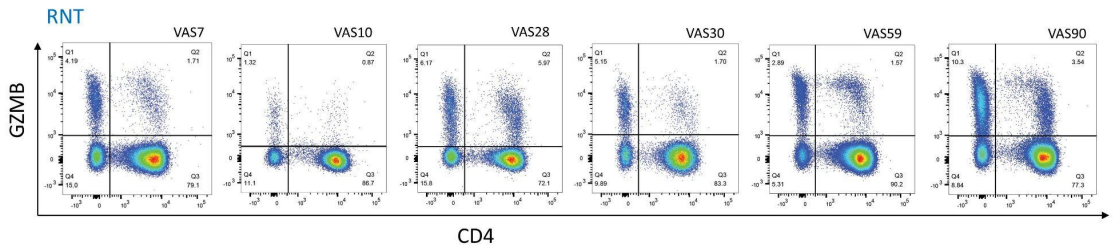
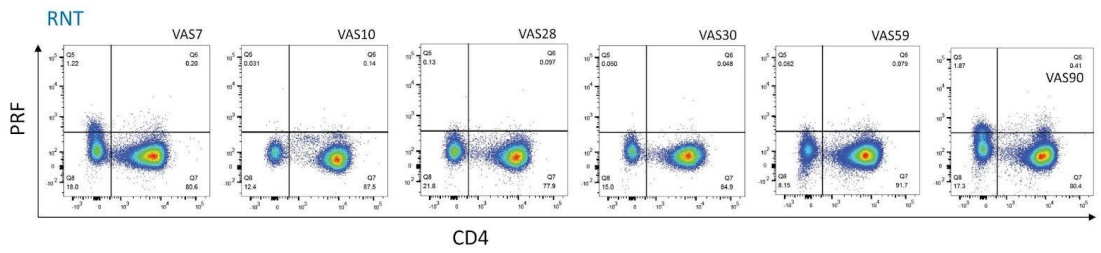


Anexo 14. Perfiles de citometría de flujo de ocho pacientes activos sin tratamiento previo (ACT), nueve controles sanos (HC), ocho pacientes en remisión tratados con glucocorticoides (RT) y seis pacientes en remisión sin tratamiento (RNT). Se muestran las células CD3+ definidas por CD4+ (eje x) y GZMB o PRF1 (eje y).

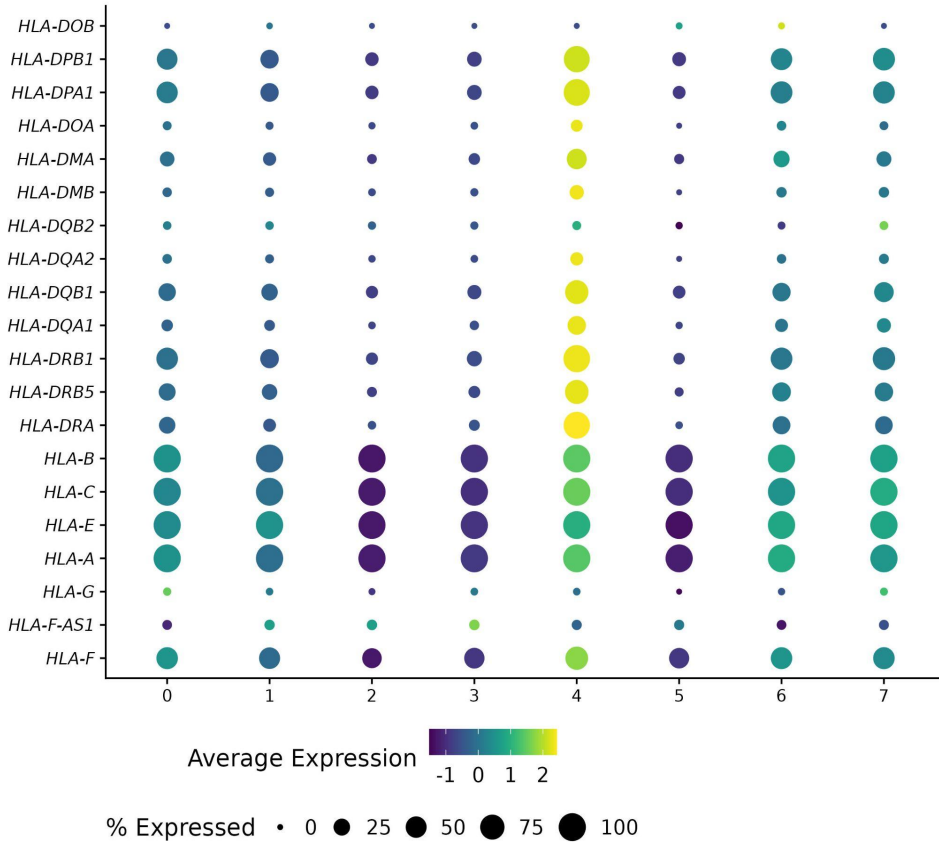








Anexo 15. Perfil de expresión de genes HLA en los ocho subclusters de células Treg. El tamaño de cada círculo representa el porcentaje de células del cluster que expresan el gen y el color indica la expresión promedio.



Anexo 16. Genes con niveles de expresión diferencial entre pacientes con GCA activa e individuos sanos para cada subtipo de célula T CD4+.

Tipo celular	Gen	avg_log2FC	pct.1	pct.2	p_val_adj
CTL	ZNF683	0,541981	0,321	0,109	1,14E-49
CTL	CCL4	0,463982	0,547	0,42	3,03E-15
CTL	ZFP36L2	0,460682	0,976	0,938	7,33E-31
CTL	DUSP2	0,436262	0,692	0,612	2,11E-09
CTL	COTL1	0,398775	0,57	0,392	3,64E-23
CTL	MALAT1	0,344194	1	1	9,17E-25
CTL	ZFP36	0,316265	0,911	0,851	7,86E-17
CTL	DDIT4	0,302215	0,539	0,437	1,70E-14
CTL	EVL	0,302053	0,795	0,677	3,41E-24
CTL	PPDPF	0,285957	0,96	0,931	4,91E-09
CTL	JUNB	0,285265	0,976	0,959	4,71E-11
CTL	CCL5	0,264834	0,992	0,98	1,19E-11
CTL	CCL4L2	0,262654	0,218	0,073	2,42E-19
CTL	ERAP2	0,250574	0,238	0,073	1,83E-32
CTL	ACTB	0,239958	1	1	3,10E-13
CTL	GMFG	0,208032	0,774	0,683	3,88E-16
CTL	IL32	0,201874	0,998	0,997	1,55E-38
CTL	UBA52	-0,200442	0,999	1	2,35E-18
CTL	EEF1A1	-0,203569	1	1	4,21E-56
CTL	LDHA	-0,204246	0,62	0,704	0,001
CTL	LMNA	-0,207646	0,101	0,204	1,63E-11
CTL	CSRNP1	-0,212038	0,242	0,355	5,01E-10
CTL	RGCC	-0,219315	0,277	0,377	1,30E-10
CTL	S100A10	-0,219411	0,94	0,969	8,00E-14
CTL	CRIP1	-0,239008	0,934	0,946	0,048
CTL	AL138963.4	-0,242302	0,17	0,269	0,022
CTL	TPT1	-0,247878	1	1	6,44E-47
CTL	ITM2A	-0,253129	0,322	0,442	3,95E-34
CTL	FTH1	-0,270009	0,999	1	2,11E-27
CTL	YPEL5	-0,312703	0,384	0,543	1,27E-15
CTL	HLA-DRB1	-0,315223	0,42	0,56	7,10E-29
CTL	BTN3A2	-0,319488	0,183	0,4	9,18E-41
CTL	MYADM	-0,345257	0,271	0,447	1,90E-18
CTL	TAGLN2	-0,370345	0,79	0,876	1,70E-23
Naïve	TXNIP	0,536063	0,982	0,974	0
Naïve	MALAT1	0,403218	1	0,999	0
Naïve	IL7R	0,241316	0,944	0,91	3,54E-156
Naïve	LTB	0,232252	0,988	0,986	5,32E-115
Naïve	FAM13A	0,200260	0,197	0,108	9,54E-116
Naïve	FOSB	-0,202388	0,255	0,379	7,58E-97
Naïve	DUSP1	-0,207996	0,751	0,831	2,07E-100
Naïve	GADD45B	-0,210992	0,319	0,413	2,00E-22
Naïve	HIST1H4C	-0,238598	0,414	0,54	2,23E-111
Naïve	H3F3B	-0,240192	0,958	0,978	6,05E-246

Naïve	<i>TUBA1A</i>	-0,242020	0,475	0,609	2,21E-150
Naïve	<i>AL138963.4</i>	-0,248351	0,253	0,338	4,75E-37
Naïve	<i>IER2</i>	-0,251866	0,463	0,586	9,85E-44
Naïve	<i>JUNB</i>	-0,253033	0,969	0,976	5,28E-69
Naïve	<i>NR4A2</i>	-0,270448	0,209	0,342	5,30E-155
Naïve	<i>ZFP36</i>	-0,326003	0,581	0,654	3,66E-58
Naïve	<i>HSPA5</i>	-0,333575	0,523	0,623	6,36E-124
Naïve	<i>PPP1R15A</i>	-0,352594	0,557	0,715	1,85E-241
Naïve	<i>FOS</i>	-0,399245	0,815	0,903	1,91E-305
Naïve	<i>NFKBIA</i>	-0,441923	0,522	0,638	2,89E-176
Naïve	<i>JUN</i>	-0,478486	0,755	0,854	4,17E-299
TCM	<i>MALAT1</i>	0,673387	1	0,995	0
TCM	<i>SOCS3</i>	0,322706	0,444	0,342	2,56E-154
TCM	<i>RGCC</i>	0,281517	0,579	0,553	1,20E-48
TCM	<i>ITGA4</i>	0,246108	0,42	0,306	6,32E-80
TCM	<i>NEAT1</i>	0,232151	0,391	0,273	2,91E-96
TCM	<i>FTL</i>	0,229954	0,996	0,987	4,54E-143
TCM	<i>ARHGAP15</i>	0,220436	0,643	0,564	1,11E-94
TCM	<i>GIMAP7</i>	0,210302	0,571	0,47	1,13E-66
TCM	<i>DDX17</i>	0,202372	0,453	0,354	7,72E-78
TCM	<i>LAPTM5</i>	-0,200173	0,86	0,911	5,35E-108
TCM	<i>CRIP1</i>	-0,200977	0,941	0,943	6,37E-62
TCM	<i>CD48</i>	-0,204535	0,801	0,873	2,36E-95
TCM	<i>SNHG8</i>	-0,206847	0,508	0,624	3,68E-91
TCM	<i>TNFAIP3</i>	-0,214931	0,829	0,877	6,50E-62
TCM	<i>SRGN</i>	-0,219626	0,729	0,814	1,84E-93
TCM	<i>EEF1A1</i>	-0,222848	1	1	0
TCM	<i>SNHG5</i>	-0,226432	0,545	0,637	4,00E-77
TCM	<i>YPEL5</i>	-0,229132	0,537	0,632	1,37E-59
TCM	<i>CDKN1A</i>	-0,229254	0,068	0,172	5,47E-141
TCM	<i>LMNA</i>	-0,232176	0,217	0,328	2,03E-112
TCM	<i>CSRNP1</i>	-0,234721	0,368	0,503	6,89E-100
TCM	<i>ZFP36</i>	-0,236098	0,835	0,865	5,81E-24
TCM	<i>ACTG1</i>	-0,286637	0,972	0,985	2,89E-152
TCM	<i>NR4A2</i>	-0,313946	0,397	0,557	9,13E-108
TCM	<i>HSPA5</i>	-0,317620	0,672	0,754	7,33E-77
TCM	<i>NFKBIA</i>	-0,354121	0,723	0,823	1,34E-106
GZMK+	<i>MALAT1</i>	0,592630	1	0,998	7,78E-80
GZMK+	<i>RGCC</i>	0,344187	0,591	0,554	1,04E-09
GZMK+	<i>ARHGAP15</i>	0,296944	0,639	0,508	5,10E-29
GZMK+	<i>CCL5</i>	0,292958	0,843	0,77	1,26E-10
GZMK+	<i>MAL</i>	0,233913	0,482	0,368	1,01E-12
GZMK+	<i>FTL</i>	0,213909	0,996	0,991	2,69E-18
GZMK+	<i>ITGA4</i>	0,202367	0,554	0,45	5,84E-07
GZMK+	<i>RACK1</i>	-0,202049	1	1	2,88E-40
GZMK+	<i>CCND3</i>	-0,203854	0,623	0,73	1,32E-14
GZMK+	<i>ARPC1B</i>	-0,211345	0,677	0,781	1,11E-13
GZMK+	<i>BTN3A2</i>	-0,216500	0,177	0,32	2,21E-25
GZMK+	<i>LAPTM5</i>	-0,218682	0,83	0,898	7,32E-21

GZMK+	<i>CORO1B</i>	-0,221290	0,347	0,461	6,59E-11
GZMK+	<i>SERTAD1</i>	-0,221718	0,22	0,354	4,05E-09
GZMK+	<i>ACTB</i>	-0,235262	1	0,999	8,37E-31
GZMK+	<i>SH3BGRL3</i>	-0,250512	0,991	0,994	1,69E-33
GZMK+	<i>TUBA4A</i>	-0,259195	0,315	0,452	1,79E-18
GZMK+	<i>CDKN1A</i>	-0,276404	0,136	0,25	4,88E-09
GZMK+	<i>CD74</i>	-0,327740	0,78	0,843	3,71E-15
GZMK+	<i>ACTG1</i>	-0,376975	0,952	0,984	1,55E-39
GZMK+	<i>GADD45B</i>	-0,505032	0,53	0,693	0,001
TEM	<i>DUSP2</i>	0,588421	0,65	0,538	3,44E-31
TEM	<i>ITGA4</i>	0,547007	0,598	0,318	5,00E-54
TEM	<i>MALAT1</i>	0,528693	0,999	0,987	4,58E-56
TEM	<i>JUN</i>	0,397781	0,867	0,799	1,03E-15
TEM	<i>CD7</i>	0,374994	0,554	0,392	4,68E-19
TEM	<i>HLA-DRB5</i>	0,370401	0,4	0,254	1,22E-30
TEM	<i>ZFP36L2</i>	0,316513	0,955	0,951	1,54E-07
TEM	<i>DUSP1</i>	0,302996	0,904	0,882	7,98E-12
TEM	<i>NEAT1</i>	0,286585	0,441	0,301	2,30E-15
TEM	<i>SLC2A3</i>	0,280119	0,681	0,651	1,02E-06
TEM	<i>RGCC</i>	0,254218	0,55	0,503	4,98E-05
TEM	<i>CCL5</i>	0,251696	0,271	0,191	0,001
TEM	<i>VAMP2</i>	0,241490	0,788	0,72	2,61E-11
TEM	<i>PPP2R5C</i>	0,240063	0,593	0,462	1,63E-14
TEM	<i>SOCS3</i>	0,234822	0,38	0,252	1,35E-13
TEM	<i>CYTIP</i>	0,227753	0,64	0,525	1,51E-12
TEM	<i>SF1</i>	0,217984	0,761	0,692	6,61E-07
TEM	<i>GIMAP7</i>	0,217206	0,61	0,49	1,29E-09
TEM	<i>HLA-DQA2</i>	0,214439	0,128	0,011	6,47E-48
TEM	<i>BTG1</i>	0,213226	0,969	0,953	1,54E-11
TEM	<i>RIPOR2</i>	0,209675	0,645	0,534	1,83E-09
TEM	<i>LIMD2</i>	0,206403	0,822	0,763	2,18E-08
TEM	<i>MYO1F</i>	0,203219	0,402	0,286	6,00E-12
TEM	<i>PI16</i>	-0,201078	0,108	0,238	6,80E-18
TEM	<i>UBA52</i>	-0,201973	0,997	1	1,28E-22
TEM	<i>ANXA1</i>	-0,208460	0,85	0,889	7,43E-08
TEM	<i>EEF1A1</i>	-0,209574	1	1	9,81E-46
TEM	<i>TAGLN2</i>	-0,212490	0,924	0,941	1,03E-07
TEM	<i>CCR10</i>	-0,213525	0,047	0,138	4,52E-11
TEM	<i>BTN3A2</i>	-0,217266	0,187	0,332	2,22E-15
TEM	<i>TPT1</i>	-0,218356	1	1	1,50E-34
TEM	<i>AL138963.4</i>	-0,229755	0,212	0,301	0,001
TEM	<i>GATA3</i>	-0,245731	0,409	0,545	1,37E-11
TEM	<i>GAS5</i>	-0,256467	0,792	0,836	3,13E-12
TEM	<i>LGALS1</i>	-0,257355	0,773	0,832	1,01E-05
TEM	<i>ACTG1</i>	-0,263993	0,985	0,991	7,86E-10
TEM	<i>AHNAK</i>	-0,268034	0,759	0,823	9,33E-08
TEM	<i>SNHG5</i>	-0,288370	0,521	0,641	1,50E-13
TEM	<i>LMNA</i>	-0,371172	0,307	0,519	6,84E-25
TEM	<i>CRIP1</i>	-0,383195	0,981	0,993	3,99E-25

Treg	<i>MALAT1</i>	0,448061	1	1	1,48E-49
Treg	<i>CRIP2</i>	0,281092	0,256	0,141	2,16E-16
Treg	<i>ITGA4</i>	0,263578	0,347	0,208	6,92E-14
Treg	<i>RGCC</i>	0,237697	0,461	0,404	2,86E-09
Treg	<i>MAL</i>	0,232258	0,605	0,502	1,20E-07
Treg	<i>IFITM1</i>	0,224072	0,943	0,877	5,40E-11
Treg	<i>HLA-DPB1</i>	-0,217349	0,313	0,406	2,33E-05
Treg	<i>TSC22D3</i>	-0,220153	0,94	0,975	7,12E-22
Treg	<i>YPEL5</i>	-0,222049	0,465	0,586	3,10E-06
Treg	<i>COTL1</i>	-0,225942	0,579	0,663	2,77E-06
Treg	<i>PPP1R15A</i>	-0,227822	0,77	0,868	1,00E-10
Treg	<i>LMNA</i>	-0,232795	0,193	0,322	8,16E-11
Treg	<i>ARHGDI1</i>	-0,235764	0,983	0,991	1,45E-21
Treg	<i>HLA-DRA</i>	-0,236309	0,15	0,234	3,34E-07
Treg	<i>ACTB</i>	-0,239582	1	1	6,64E-20
Treg	<i>LGALS1</i>	-0,250089	0,396	0,456	1,14E-08
Treg	<i>TNFAIP3</i>	-0,250308	0,697	0,769	4,69E-05
Treg	<i>UCP2</i>	-0,258920	0,65	0,717	1,32E-10
Treg	<i>TAGLN2</i>	-0,272698	0,783	0,858	3,49E-18
Treg	<i>BTN3A2</i>	-0,286322	0,161	0,344	1,97E-29
Treg	<i>PMAIP1</i>	-0,297947	0,414	0,492	4,96E-08
Treg	<i>HLA-DQB1</i>	-0,314026	0,143	0,295	1,79E-16
Treg	<i>CRIP1</i>	-0,343297	0,849	0,88	9,63E-18
Treg	<i>DUSP4</i>	-0,343778	0,274	0,413	1,24E-16
Treg	<i>HLA-DRB1</i>	-0,355071	0,301	0,433	7,39E-14
Treg	<i>ACTG1</i>	-0,368160	0,986	0,992	6,00E-21
Treg	<i>CD74</i>	-0,426640	0,755	0,816	8,78E-15

avg_log2FC, \log_2 de la tasa de cambio de la expresión media entre los 2 grupos comparados; *pct.1*, porcentaje de expresión en el grupo 1; *pct.2*, porcentaje de expresión en el grupo 2; *p_val_adj*, p valor corregido por Bonferroni.

Anexo 17. Genes con niveles de expresión diferencial entre pacientes con GCA activa y pacientes en remisión para cada subtipo de célula T CD4+.

Tipo celular	Gen	avg_log2FC	pct.1	pct.2	p_val_adj
CTL	<i>GZMH</i>	0,748750	0,907	0,593	7,67E-07
CTL	<i>NKG7</i>	0,495174	0,985	0,861	0,002
CTL	<i>FGFBP2</i>	0,434177	0,761	0,472	0,005
CTL	<i>GZMB</i>	0,394979	0,477	0,259	0,017
Naïve	<i>LTB</i>	0,654009	0,988	0,956	0
Naïve	<i>IL32</i>	0,414039	0,913	0,836	0
Naïve	<i>IFITM3</i>	0,346027	0,32	0,139	1,60E-216
Naïve	<i>PPDPF</i>	0,338930	0,911	0,847	0
Naïve	<i>TSC22D3</i>	0,309362	0,945	0,917	9,41E-64
Naïve	<i>UCP2</i>	0,295772	0,564	0,479	9,83E-74
Naïve	<i>KLF6</i>	0,271654	0,612	0,539	1,88E-16
Naïve	<i>TXNIP</i>	0,259663	0,982	0,987	0,020
Naïve	<i>B2M</i>	0,258001	1	1	0
Naïve	<i>PCED1B-AS1</i>	0,256563	0,903	0,856	2,75E-115
Naïve	<i>HLA-A</i>	0,252361	0,999	0,997	7,99E-270
Naïve	<i>IL7R</i>	0,237983	0,944	0,922	1,14E-111
Naïve	<i>TAGLN2</i>	0,235772	0,654	0,57	6,97E-19
Naïve	<i>PRKCQ-AS1</i>	0,233655	0,623	0,521	0,003
Naïve	<i>HLA-B</i>	0,219140	1	1	0
Naïve	<i>CD74</i>	0,218888	0,607	0,523	1,54E-122
Naïve	<i>ERAP2</i>	0,218604	0,216	0,077	4,38E-212
Naïve	<i>IFITM1</i>	0,214639	0,991	0,986	2,49E-199
Naïve	<i>PTPRC</i>	0,209354	0,893	0,865	3,11E-63
Naïve	<i>HLA-E</i>	0,206495	0,99	0,981	1,53E-154
Naïve	<i>FAM13A</i>	0,204899	0,197	0,103	1,26E-32
Naïve	<i>NDFIP1</i>	0,204579	0,66	0,606	3,79E-73
Naïve	<i>DDT</i>	-0,210610	0,227	0,369	1,30E-152
Naïve	<i>NSA2</i>	-0,211376	0,638	0,746	2,70E-189
Naïve	<i>SCGB3A1</i>	-0,222302	0,013	0,152	0
Naïve	<i>IFITM2</i>	-0,245877	0,595	0,713	1,65E-25
Naïve	<i>FOSB</i>	-0,282534	0,255	0,406	8,57E-237
Naïve	<i>IER2</i>	-0,297272	0,463	0,575	1,37E-230
Naïve	<i>ZFP36</i>	-0,356741	0,581	0,66	8,91E-184
Naïve	<i>JUN</i>	-0,385383	0,755	0,761	2,03E-307
Naïve	<i>HIST1H4C</i>	-0,397380	0,414	0,596	0
Naïve	<i>FOS</i>	-0,414565	0,815	0,841	2,34E-225
Naïve	<i>SNHG8</i>	-0,475203	0,591	0,801	5,74E-277
Naïve	<i>AL138963.4</i>	-0,548141	0,253	0,44	2,57E-206
TCM	<i>RGCC</i>	0,830721	0,579	0,356	3,75E-116
TCM	<i>LTB</i>	0,507943	0,992	0,966	3,60E-98
TCM	<i>KLF6</i>	0,469344	0,857	0,755	7,65E-46
TCM	<i>PPDPF</i>	0,411608	0,948	0,874	7,78E-155
TCM	<i>PPP1R15A</i>	0,357081	0,812	0,716	4,25E-36
TCM	<i>SOCS3</i>	0,341845	0,444	0,333	1,30E-19

TCM	<i>DUSP1</i>	0,322308	0,923	0,88	8,99E-09
TCM	<i>MALAT1</i>	0,314699	1	1	3,85E-50
TCM	<i>CRIP1</i>	0,313271	0,941	0,883	1,16E-31
TCM	<i>TAGLN2</i>	0,291909	0,832	0,745	2,96E-22
TCM	<i>PLP2</i>	0,280694	0,673	0,52	6,24E-68
TCM	<i>HLA-A</i>	0,278407	1	0,999	2,06E-95
TCM	<i>IL32</i>	0,278032	0,97	0,937	3,08E-73
TCM	<i>VIM</i>	0,277909	0,994	0,988	7,63E-34
TCM	<i>SLC2A3</i>	0,273592	0,671	0,633	3,57E-18
TCM	<i>B2M</i>	0,272230	1	1	7,23E-247
TCM	<i>LGALS1</i>	0,272036	0,389	0,306	2,41E-20
TCM	<i>H3F3B</i>	0,271461	0,987	0,974	7,09E-42
TCM	<i>MYADM</i>	0,265730	0,364	0,233	2,05E-28
TCM	<i>DNAJB1</i>	0,261506	0,815	0,752	7,13E-25
TCM	<i>S100A10</i>	0,252049	0,882	0,84	3,14E-16
TCM	<i>TSC22D3</i>	0,243606	0,947	0,948	6,04E-08
TCM	<i>HLA-B</i>	0,230549	1	1	7,09E-104
TCM	<i>PNRC1</i>	0,224458	0,908	0,869	1,66E-12
TCM	<i>CRIP2</i>	0,224367	0,258	0,141	3,11E-33
TCM	<i>ARHGAP15</i>	0,222870	0,643	0,558	1,03E-18
TCM	<i>ERAP2</i>	0,221775	0,204	0,061	4,99E-59
TCM	<i>ANXA1</i>	0,219071	0,744	0,688	1,78E-07
TCM	<i>GPR183</i>	0,213993	0,474	0,419	1,83E-15
TCM	<i>UBC</i>	0,211758	0,987	0,982	3,08E-11
TCM	<i>TUBA1A</i>	0,204077	0,623	0,562	1,19E-10
TCM	<i>BTG2</i>	0,203481	0,568	0,496	1,44E-05
TCM	<i>S100A11</i>	0,201804	0,485	0,408	1,30E-13
TCM	<i>HIST1H4C</i>	-0,211738	0,533	0,628	2,51E-48
TCM	<i>KLRB1</i>	-0,428891	0,317	0,428	4,41E-44
TCM	<i>SNHG8</i>	-0,456027	0,508	0,739	2,34E-79
GZMK+	<i>RGCC</i>	0,664357	0,591	0,419	1,07E-13
GZMK+	<i>KLF6</i>	0,463064	0,909	0,819	3,08E-09
GZMK+	<i>LTB</i>	0,370867	0,975	0,959	0,011
GZMK+	<i>DUSP1</i>	0,326821	0,966	0,927	0,0001
GZMK+	<i>PPDPF</i>	0,322923	0,931	0,869	1,28E-12
GZMK+	<i>VIM</i>	0,276337	0,984	0,977	0,001
GZMK+	<i>SLC2A3</i>	0,271190	0,583	0,494	0,034
GZMK+	<i>PPP1R15A</i>	0,267337	0,859	0,786	1,44E-05
GZMK+	<i>H3F3B</i>	0,251438	0,993	0,988	2,36E-07
GZMK+	<i>PTGES3</i>	0,220765	0,607	0,51	0,002
GZMK+	<i>DNAJC15</i>	0,216083	0,241	0,096	7,01E-13
GZMK+	<i>CCL5</i>	0,212352	0,843	0,791	0,003
GZMK+	<i>ETS1</i>	-0,281853	0,475	0,628	2,02E-06
GZMK+	<i>TXNIP</i>	-0,338027	0,936	0,97	1,60E-28
GZMK+	<i>AL138963.4</i>	-0,435078	0,257	0,412	7,08E-05
GZMK+	<i>SNHG8</i>	-0,496560	0,47	0,697	3,16E-17
TEM	<i>RGCC</i>	0,728347	0,55	0,291	0,0003
TEM	<i>SLC2A3</i>	0,454675	0,681	0,577	0,030
TEM	<i>PPDPF</i>	0,283552	0,971	0,925	0,0002

TEM	CD74	0,231532	0,898	0,803	0,002
TEM	HLA-DQA2	0,218559	0,128	0,009	0,012
TEM	LGALS3	0,216119	0,448	0,324	0,005
TEM	TXNIP	-0,279402	0,846	0,883	0,019
TEM	PTPRCAP	-0,309961	0,593	0,7	0,001
Treg	RGCC	0,592491	0,461	0,262	7,90E-11
Treg	LTB	0,413421	0,977	0,952	0,004
Treg	VIM	0,350612	0,979	0,965	0,001
Treg	IL32	0,333974	0,988	0,973	1,32E-09
Treg	UBC	0,300715	0,997	0,988	0,002
Treg	CRIP2	0,295877	0,256	0,13	6,54E-06
Treg	LGALS3	0,281929	0,382	0,217	0,0005
Treg	HLA-A	0,276964	1	1	1,48E-05
Treg	HLA-C	0,256238	0,999	1	3,33E-18
Treg	PPDPF	0,253965	0,937	0,901	3,23E-09
Treg	HLA-E	0,234310	0,992	1	6,79E-05
Treg	B2M	0,220375	1	1	6,00E-15
Treg	ERAP2	0,217885	0,216	0,076	2,62E-05
Treg	PLP2	0,215434	0,577	0,492	0,008
Treg	DDT	-0,242466	0,277	0,409	4,00E-06
Treg	BTN3A2	-0,264073	0,161	0,341	2,90E-06
Treg	SNHG8	-0,408175	0,455	0,674	1,90E-05

avg_log2FC, \log_2 de la tasa de cambio de la expresión media entre los 2 grupos comparados; *pct.1*, porcentaje de expresión en el grupo 1; *pct.2*, porcentaje de expresión en el grupo 2; *p_val_adj*, p valor corregido por Bonferroni.

Anexo 18. Genes diferencialmente expresados entre pacientes con GCA en remisión y controles sanos para cada subtipo de células T CD4+.

Tipo celular	Gen	avg_log2FC	pct.1	pct.2	p_val_adj
CTL	GZMK	0,743663	0,426	0,16	1,9E-08
CTL	DUSP2	0,636444	0,741	0,612	9,2E-04
CTL	SNHG8	0,513465	0,685	0,407	5,9E-06
CTL	ZFP36L2	0,412388	0,981	0,938	7,9E-05
CTL	LTB	0,394114	0,667	0,585	2,7E-02
CTL	LEPROTL1	0,337172	0,593	0,429	1,2E-02
CTL	SELL	0,332902	0,296	0,14	8,4E-05
CTL	ETS1	0,324655	0,602	0,425	4,7E-02
CTL	MALAT1	0,314032	1	1	3,2E-04
CTL	AQP3	0,303209	0,278	0,113	3,7E-02
CTL	SMDT1	0,203250	0,574	0,394	1,4E-02
CTL	ITM2C	-0,200343	0,046	0,16	1,2E-04
CTL	MYL6	-0,220639	0,917	0,968	7,2E-03
CTL	TMSB10	-0,225655	1	1	3,4E-04
CTL	HLA-A	-0,243950	1	1	6,9E-04
CTL	UBC	-0,258711	0,981	0,996	6,7E-03

CTL	<i>CTSC</i>	-0,259985	0,481	0,611	1,4E-02
CTL	<i>HLA-C</i>	-0,278602	1	1	1,2E-11
CTL	<i>FTH1</i>	-0,279954	1	1	4,9E-03
CTL	<i>CFL1</i>	-0,306656	1	0,995	1,2E-04
CTL	<i>PFN1</i>	-0,315138	1	1	2,4E-06
CTL	<i>SH3BGRL3</i>	-0,316781	1	1	7,6E-08
CTL	<i>IL2RG</i>	-0,317060	0,787	0,902	4,7E-02
CTL	<i>EFHD2</i>	-0,319602	0,333	0,525	4,0E-05
CTL	<i>CD99</i>	-0,326570	0,861	0,945	2,4E-04
CTL	<i>S100A4</i>	-0,330992	1	0,993	1,7E-06
CTL	<i>ADGRG1</i>	-0,341048	0,213	0,428	8,9E-04
CTL	<i>ACTG1</i>	-0,341628	0,981	0,988	2,7E-03
CTL	<i>RAC2</i>	-0,377096	0,861	0,918	1,6E-03
CTL	<i>CX3CR1</i>	-0,387736	0,056	0,295	2,6E-10
CTL	<i>ITGB2</i>	-0,388132	0,778	0,883	2,2E-03
CTL	<i>SERTAD1</i>	-0,389768	0,213	0,415	9,7E-06
CTL	<i>CLIC1</i>	-0,406074	0,731	0,839	5,7E-05
CTL	<i>CD3D</i>	-0,415932	0,852	0,923	1,5E-04
CTL	<i>FGFBP2</i>	-0,434234	0,472	0,778	1,6E-06
CTL	<i>TAGLN2</i>	-0,434880	0,713	0,876	7,7E-04
CTL	<i>LGALS1</i>	-0,446324	0,537	0,726	1,8E-03
CTL	<i>GZMA</i>	-0,479834	0,806	0,915	2,2E-05
CTL	<i>TSC22D3</i>	-0,487318	0,954	0,976	3,4E-04
CTL	<i>PRF1</i>	-0,489229	0,454	0,694	6,5E-09
CTL	<i>NKG7</i>	-0,489827	0,861	0,969	5,1E-13
CTL	<i>SPON2</i>	-0,509489	0,194	0,436	5,3E-09
CTL	<i>ACTB</i>	-0,509994	1	1	2,4E-08
CTL	<i>GNLY</i>	-0,613078	0,741	0,892	2,7E-12
CTL	<i>GZMH</i>	-0,988373	0,593	0,902	5,9E-28
Naïve	<i>SNHG8</i>	0,326226	0,801	0,658	1,0E-274
Naïve	<i>AL138963.4</i>	0,299790	0,44	0,338	6,6E-48
Naïve	<i>TXNIP</i>	0,276401	0,987	0,974	0,0E+00
Naïve	<i>PTPRCAP</i>	0,260786	0,529	0,378	7,1E-203
Naïve	<i>PIM1</i>	0,255558	0,54	0,426	8,4E-223
Naïve	<i>MALAT1</i>	0,225939	1	0,999	1,7E-195
Naïve	<i>IFITM2</i>	0,217950	0,713	0,618	2,9E-78
Naïve	<i>DDT</i>	0,204446	0,369	0,239	4,7E-158
Naïve	<i>TSC22D3</i>	-0,201596	0,917	0,934	5,2E-62
Naïve	<i>B2M</i>	-0,212161	1	1	0,0E+00
Naïve	<i>YPEL5</i>	-0,214968	0,444	0,524	8,4E-139
Naïve	<i>PCED1B-AS1</i>	-0,216574	0,856	0,896	1,1E-88
Naïve	<i>HLA-A</i>	-0,222114	0,997	0,999	0,0E+00
Naïve	<i>RGCC</i>	-0,232038	0,257	0,36	6,5E-129
Naïve	<i>TMSB4X</i>	-0,235866	1	1	0,0E+00
Naïve	<i>H3F3B</i>	-0,248163	0,962	0,978	2,3E-162
Naïve	<i>IFITM3</i>	-0,250300	0,139	0,29	8,0E-204
Naïve	<i>HSPA5</i>	-0,261629	0,557	0,623	4,3E-98
Naïve	<i>PPP1R15A</i>	-0,270490	0,608	0,715	3,5E-130
Naïve	<i>NFKBIA</i>	-0,282482	0,556	0,638	6,9E-97

Naïve	<i>FTH1</i>	-0,292710	0,996	0,998	0,0E+00
Naïve	<i>CRIP1</i>	-0,293121	0,712	0,778	3,3E-100
Naïve	<i>UCP2</i>	-0,296310	0,479	0,591	4,5E-128
Naïve	<i>DNAJB1</i>	-0,299182	0,739	0,824	2,9E-220
Naïve	<i>IL32</i>	-0,317274	0,836	0,908	2,2E-293
Naïve	<i>PPDPF</i>	-0,317719	0,847	0,914	3,6E-269
Naïve	<i>KLF6</i>	-0,327596	0,539	0,651	2,5E-157
Naïve	<i>TAGLN2</i>	-0,387296	0,57	0,702	9,7E-219
Naïve	<i>LTB</i>	-0,421756	0,956	0,986	0,0E+00
TCM	<i>TXNIP</i>	0,416438	0,972	0,942	3,7E-127
TCM	<i>MALAT1</i>	0,358688	1	0,995	1,8E-91
TCM	<i>KLRB1</i>	0,311924	0,428	0,34	1,1E-23
TCM	<i>SNHG8</i>	0,249180	0,739	0,624	3,7E-49
TCM	<i>PTPRCAP</i>	0,238754	0,581	0,449	1,2E-48
TCM	<i>CDKN1A</i>	-0,208782	0,08	0,172	4,2E-39
TCM	<i>SLC2A3</i>	-0,212021	0,633	0,702	6,9E-20
TCM	<i>TMSB4X</i>	-0,212644	1	1	2,2E-86
TCM	<i>DUSP1</i>	-0,213925	0,88	0,929	5,9E-31
TCM	<i>UBC</i>	-0,214050	0,982	0,99	1,4E-50
TCM	<i>FOS</i>	-0,223019	0,881	0,956	2,3E-36
TCM	<i>JUN</i>	-0,227083	0,816	0,896	1,4E-27
TCM	<i>UCP2</i>	-0,227726	0,514	0,599	4,9E-24
TCM	<i>S100A11</i>	-0,228420	0,408	0,516	2,2E-31
TCM	<i>TUBA1A</i>	-0,229973	0,562	0,661	1,6E-33
TCM	<i>HLA-A</i>	-0,230220	0,999	1	8,6E-90
TCM	<i>VIM</i>	-0,239540	0,988	0,989	3,6E-29
TCM	<i>PLP2</i>	-0,243879	0,52	0,678	2,1E-53
TCM	<i>S100A4</i>	-0,244524	0,935	0,952	7,4E-27
TCM	<i>SH3BGRL3</i>	-0,245159	0,973	0,988	1,5E-63
TCM	<i>EZR</i>	-0,271391	0,482	0,603	5,0E-45
TCM	<i>CD74</i>	-0,274021	0,597	0,722	1,4E-48
TCM	<i>IFITM3</i>	-0,277722	0,149	0,313	2,8E-74
TCM	<i>IL32</i>	-0,278297	0,937	0,973	5,7E-69
TCM	<i>SRGN</i>	-0,278553	0,753	0,814	1,6E-36
TCM	<i>JUNB</i>	-0,283021	0,977	0,989	4,4E-42
TCM	<i>TSC22D3</i>	-0,284005	0,948	0,963	3,5E-42
TCM	<i>S100A10</i>	-0,284951	0,84	0,891	2,6E-41
TCM	<i>PPDPF</i>	-0,286706	0,874	0,938	2,7E-70
TCM	<i>LGALS1</i>	-0,288406	0,306	0,415	1,2E-27
TCM	<i>TNFAIP3</i>	-0,295575	0,827	0,877	3,9E-36
TCM	<i>H3F3B</i>	-0,297206	0,974	0,988	2,3E-74
TCM	<i>NR4A2</i>	-0,300020	0,433	0,557	7,8E-44
TCM	<i>SNHG5</i>	-0,301743	0,51	0,637	1,5E-58
TCM	<i>DNAJB1</i>	-0,306042	0,752	0,852	3,2E-67
TCM	<i>FTH1</i>	-0,306613	1	1	8,7E-98
TCM	<i>GADD45B</i>	-0,311813	0,452	0,549	5,9E-47
TCM	<i>ANXA1</i>	-0,325133	0,688	0,791	4,1E-52
TCM	<i>MYADM</i>	-0,327296	0,233	0,401	6,4E-73
TCM	<i>YPEL5</i>	-0,336409	0,493	0,632	9,6E-67

TCM	<i>CSRNP1</i>	-0,354983	0,325	0,503	4,7E-85
TCM	<i>HSPA5</i>	-0,364757	0,659	0,754	9,5E-50
TCM	<i>LMNA</i>	-0,374513	0,161	0,328	8,9E-80
TCM	<i>ZFP36</i>	-0,378402	0,784	0,865	3,0E-46
TCM	<i>NFKBIA</i>	-0,384061	0,7	0,823	8,2E-67
TCM	<i>LTB</i>	-0,424353	0,966	0,989	2,0E-114
TCM	<i>TAGLN2</i>	-0,464792	0,745	0,874	2,1E-122
TCM	<i>KLF6</i>	-0,488876	0,755	0,89	1,5E-134
TCM	<i>PPP1R15A</i>	-0,506488	0,716	0,877	1,4E-153
TCM	<i>CRIP1</i>	-0,514248	0,883	0,943	2,0E-102
TCM	<i>RGCC</i>	-0,549204	0,356	0,553	3,4E-122
GZMK+	<i>MALAT1</i>	0,436206	1	0,998	1,6E-23
GZMK+	<i>TXNIP</i>	0,417849	0,97	0,952	6,8E-18
GZMK+	<i>AL138963.4</i>	0,344368	0,412	0,286	3,9E-06
GZMK+	<i>SNHG8</i>	0,318862	0,697	0,573	1,2E-12
GZMK+	<i>LYAR</i>	0,312609	0,621	0,497	3,2E-10
GZMK+	<i>AHNAK</i>	0,258504	0,761	0,707	1,5E-02
GZMK+	<i>ETS1</i>	0,234662	0,628	0,505	6,0E-06
GZMK+	<i>GCC2</i>	0,216795	0,425	0,316	3,0E-05
GZMK+	<i>HLA-A</i>	-0,200859	0,998	0,999	5,1E-13
GZMK+	<i>ITM2A</i>	-0,202107	0,327	0,429	2,5E-03
GZMK+	<i>HIGD2A</i>	-0,202416	0,581	0,658	1,6E-02
GZMK+	<i>EZR</i>	-0,208516	0,515	0,598	5,7E-03
GZMK+	<i>DNAJA1</i>	-0,211389	0,253	0,381	5,5E-06
GZMK+	<i>CD82</i>	-0,211437	0,204	0,335	3,0E-07
GZMK+	<i>SLC2A3</i>	-0,214120	0,494	0,58	3,2E-02
GZMK+	<i>ANXA1</i>	-0,218494	0,742	0,792	3,6E-02
GZMK+	<i>GAPDH</i>	-0,218589	0,963	0,98	9,1E-07
GZMK+	<i>HSPA8</i>	-0,219344	0,874	0,92	1,1E-05
GZMK+	<i>CORO1A</i>	-0,219829	0,873	0,9	1,1E-03
GZMK+	<i>YPEL5</i>	-0,219983	0,508	0,587	8,5E-03
GZMK+	<i>ARPC1B</i>	-0,220112	0,68	0,781	2,8E-05
GZMK+	<i>PPDPF</i>	-0,224032	0,869	0,92	9,7E-07
GZMK+	<i>CITED2</i>	-0,229016	0,35	0,434	8,1E-03
GZMK+	<i>PFN1</i>	-0,232920	0,993	0,998	1,4E-10
GZMK+	<i>MYL6</i>	-0,233312	0,876	0,917	3,3E-06
GZMK+	<i>CLIC1</i>	-0,237689	0,595	0,677	8,3E-04
GZMK+	<i>H3F3B</i>	-0,243283	0,988	0,993	2,9E-08
GZMK+	<i>BTG2</i>	-0,246234	0,508	0,605	9,6E-04
GZMK+	<i>LMNA</i>	-0,246435	0,216	0,351	6,9E-07
GZMK+	<i>SH3BGRL3</i>	-0,249980	0,986	0,994	2,0E-13
GZMK+	<i>UCP2</i>	-0,250958	0,407	0,52	3,1E-05
GZMK+	<i>CRIP1</i>	-0,253250	0,865	0,916	2,0E-05
GZMK+	<i>SERTAD1</i>	-0,257845	0,204	0,354	1,6E-10
GZMK+	<i>UBC</i>	-0,258585	0,986	0,995	3,9E-15
GZMK+	<i>FOS</i>	-0,260408	0,926	0,968	3,9E-03
GZMK+	<i>RAC2</i>	-0,261580	0,86	0,9	8,0E-08
GZMK+	<i>TUBB4B</i>	-0,267012	0,32	0,448	3,9E-07
GZMK+	<i>SNHG5</i>	-0,276518	0,427	0,538	3,6E-07

GZMK+	<i>TAGLN2</i>	-0,286190	0,788	0,86	2,0E-07
GZMK+	<i>COTL1</i>	-0,287757	0,632	0,735	4,4E-07
GZMK+	<i>ZFP36</i>	-0,290690	0,883	0,927	1,7E-03
GZMK+	<i>CSRNP1</i>	-0,297683	0,358	0,507	1,2E-09
GZMK+	<i>DNAJB1</i>	-0,317596	0,809	0,883	1,5E-10
GZMK+	<i>RGCC</i>	-0,320170	0,419	0,554	6,6E-08
GZMK+	<i>LTB</i>	-0,330733	0,959	0,973	7,1E-10
GZMK+	<i>JUNB</i>	-0,348265	0,989	0,992	1,5E-07
GZMK+	<i>PPP1R15A</i>	-0,359257	0,786	0,885	5,0E-14
GZMK+	<i>IER2</i>	-0,379240	0,747	0,814	5,0E-07
GZMK+	<i>ACTB</i>	-0,384900	0,998	0,999	5,1E-25
GZMK+	<i>ACTG1</i>	-0,415879	0,959	0,984	8,2E-19
GZMK+	<i>JUN</i>	-0,418459	0,912	0,953	1,5E-07
GZMK+	<i>GADD45B</i>	-0,422400	0,575	0,693	6,4E-11
GZMK+	<i>KLF6</i>	-0,425602	0,819	0,918	1,4E-20
GZMK+	<i>CD74</i>	-0,432220	0,738	0,843	2,8E-11
TEM	<i>IFITM2</i>	0,541244	0,93	0,848	1,9E-08
TEM	<i>MALAT1</i>	0,323408	1	0,987	3,0E-05
TEM	<i>NDUFA3</i>	0,275797	0,624	0,477	1,1E-02
TEM	<i>SNHG8</i>	0,269688	0,69	0,551	1,3E-02
TEM	<i>YPEL5</i>	-0,229275	0,394	0,535	1,9E-02
TEM	<i>DUSP4</i>	-0,281211	0,221	0,34	5,8E-03
TEM	<i>DNAJB1</i>	-0,285613	0,685	0,767	2,7E-02
TEM	<i>GADD45B</i>	-0,288102	0,399	0,529	9,0E-08
TEM	<i>CD69</i>	-0,296984	0,751	0,828	1,6E-02
TEM	<i>MYADM</i>	-0,363473	0,23	0,423	2,1E-04
TEM	<i>PPP1R15A</i>	-0,385948	0,793	0,853	1,9E-03
TEM	<i>S100A10</i>	-0,386822	0,967	0,99	3,9E-05
TEM	<i>LMNA</i>	-0,396798	0,338	0,519	1,3E-04
TEM	<i>IFITM3</i>	-0,407587	0,188	0,417	4,1E-03
TEM	<i>LTB</i>	-0,455911	0,915	0,97	1,0E-03
TEM	<i>RGCC</i>	-0,474130	0,291	0,503	1,8E-09
TEM	<i>TAGLN2</i>	-0,510940	0,892	0,941	5,0E-04
TEM	<i>KLF6</i>	-0,643971	0,756	0,91	6,6E-14
TEM	<i>CRIP1</i>	-0,693253	0,948	0,993	2,8E-11
Treg	<i>SNHG8</i>	0,298358	0,674	0,511	1,0E-10
Treg	<i>IFITM2</i>	0,291581	0,638	0,48	2,6E-09
Treg	<i>MALAT1</i>	0,270789	1	1	6,8E-15
Treg	<i>DDT</i>	0,269967	0,409	0,254	2,7E-11
Treg	<i>TXNIP</i>	0,256834	0,967	0,954	9,8E-13
Treg	<i>IFITM1</i>	0,239798	0,95	0,877	1,0E-08
Treg	<i>IL7R</i>	0,235130	0,75	0,658	7,3E-04
Treg	<i>GCC2</i>	0,204195	0,448	0,345	3,3E-02
Treg	<i>IER2</i>	-0,202382	0,682	0,729	6,6E-03
Treg	<i>YPEL5</i>	-0,217400	0,479	0,586	1,8E-05
Treg	<i>SNHG5</i>	-0,219407	0,496	0,602	1,1E-05
Treg	<i>TENT5C</i>	-0,223117	0,417	0,532	2,9E-04
Treg	<i>CLIC1</i>	-0,229792	0,624	0,705	3,6E-02
Treg	<i>B2M</i>	-0,236267	1	1	1,7E-21

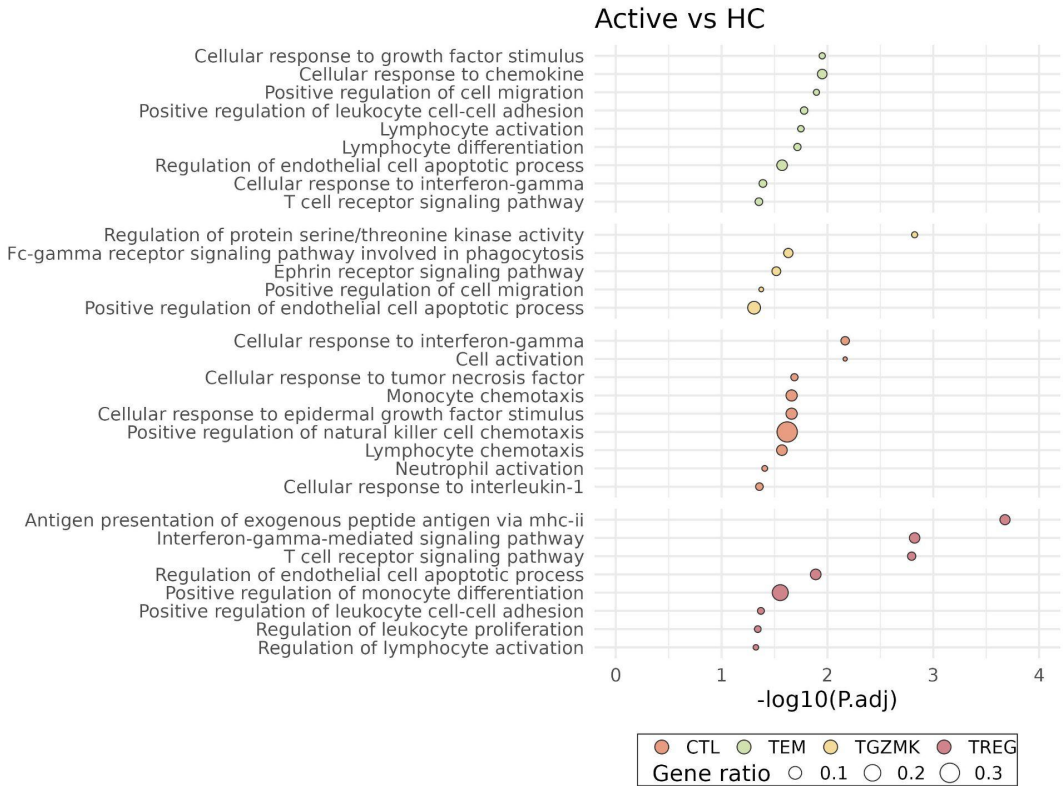
Treg	<i>TMSB10</i>	-0,238943	1	1	1,0E-09
Treg	<i>TUBB4B</i>	-0,241114	0,293	0,41	4,1E-08
Treg	<i>DNAJB1</i>	-0,244328	0,841	0,888	1,9E-06
Treg	<i>LGALS3</i>	-0,245327	0,217	0,353	1,4E-04
Treg	<i>HLA-DRA</i>	-0,246165	0,13	0,234	1,2E-03
Treg	<i>HLA-C</i>	-0,250707	1	1	9,7E-23
Treg	<i>CD69</i>	-0,254536	0,674	0,72	4,2E-02
Treg	<i>MYADM</i>	-0,254787	0,105	0,245	8,4E-11
Treg	<i>COTL1</i>	-0,256430	0,609	0,663	9,7E-03
Treg	<i>TMSB4X</i>	-0,260389	1	1	2,2E-20
Treg	<i>ARPC1B</i>	-0,261345	0,717	0,767	5,6E-03
Treg	<i>PFN1</i>	-0,268531	0,994	0,998	2,9E-10
Treg	<i>TNFAIP3</i>	-0,276490	0,717	0,769	2,8E-04
Treg	<i>HLA-DPB1</i>	-0,280450	0,277	0,406	5,1E-06
Treg	<i>LTB</i>	-0,280831	0,952	0,97	3,7E-05
Treg	<i>CYTOR</i>	-0,281357	0,262	0,407	1,7E-07
Treg	<i>GADD45B</i>	-0,287158	0,436	0,538	1,2E-08
Treg	<i>ARHGDIB</i>	-0,291615	0,973	0,991	2,1E-12
Treg	<i>CSRNP1</i>	-0,301478	0,254	0,395	1,1E-10
Treg	<i>S100A4</i>	-0,304351	0,95	0,969	1,7E-05
Treg	<i>MIR4435-2HG</i>	-0,306673	0,126	0,273	3,1E-11
Treg	<i>TSC22D3</i>	-0,316962	0,967	0,975	1,2E-08
Treg	<i>LMNA</i>	-0,321339	0,172	0,322	2,9E-10
Treg	<i>BTG2</i>	-0,324194	0,502	0,628	5,6E-08
Treg	<i>RGS1</i>	-0,329532	0,473	0,593	3,0E-08
Treg	<i>PMAIP1</i>	-0,337544	0,39	0,492	7,7E-04
Treg	<i>FTH1</i>	-0,339576	1	1	2,8E-27
Treg	<i>S100A10</i>	-0,340591	0,874	0,923	2,6E-07
Treg	<i>ZFP36</i>	-0,345300	0,787	0,849	3,7E-06
Treg	<i>ACTB</i>	-0,345647	1	1	2,0E-17
Treg	<i>SRGN</i>	-0,352043	0,746	0,827	2,3E-09
Treg	<i>RGCC</i>	-0,354794	0,262	0,404	5,5E-13
Treg	<i>H3F3B</i>	-0,355994	0,983	0,993	1,5E-18
Treg	<i>HLA-DPA1</i>	-0,360552	0,238	0,417	1,1E-11
Treg	<i>JUN</i>	-0,368478	0,862	0,908	7,9E-05
Treg	<i>SH3BGRL3</i>	-0,371965	0,959	0,985	7,1E-17
Treg	<i>UBC</i>	-0,372037	0,988	0,996	9,8E-28
Treg	<i>ACTG1</i>	-0,394942	0,977	0,992	8,9E-16
Treg	<i>NFKBIA</i>	-0,400137	0,661	0,763	2,7E-10
Treg	<i>HLA-A</i>	-0,409432	1	1	1,1E-32
Treg	<i>DUSP1</i>	-0,414697	0,859	0,931	1,4E-13
Treg	<i>DUSP4</i>	-0,439408	0,203	0,413	3,0E-17
Treg	<i>UCP2</i>	-0,447480	0,593	0,717	1,9E-11
Treg	<i>HLA-DRB1</i>	-0,457280	0,287	0,433	2,5E-10
Treg	<i>PPP1R15A</i>	-0,478605	0,736	0,868	1,2E-21
Treg	<i>LGALS1</i>	-0,508639	0,3	0,456	4,3E-07
Treg	<i>IL32</i>	-0,508938	0,973	0,993	1,8E-26
Treg	<i>TAGLN2</i>	-0,513856	0,692	0,858	3,4E-22
Treg	<i>KLF6</i>	-0,565914	0,789	0,885	3,2E-20

Treg	CRIP1	-0,616076	0,748	0,88	1,3E-21
Treg	CD74	-0,658470	0,715	0,816	1,2E-16

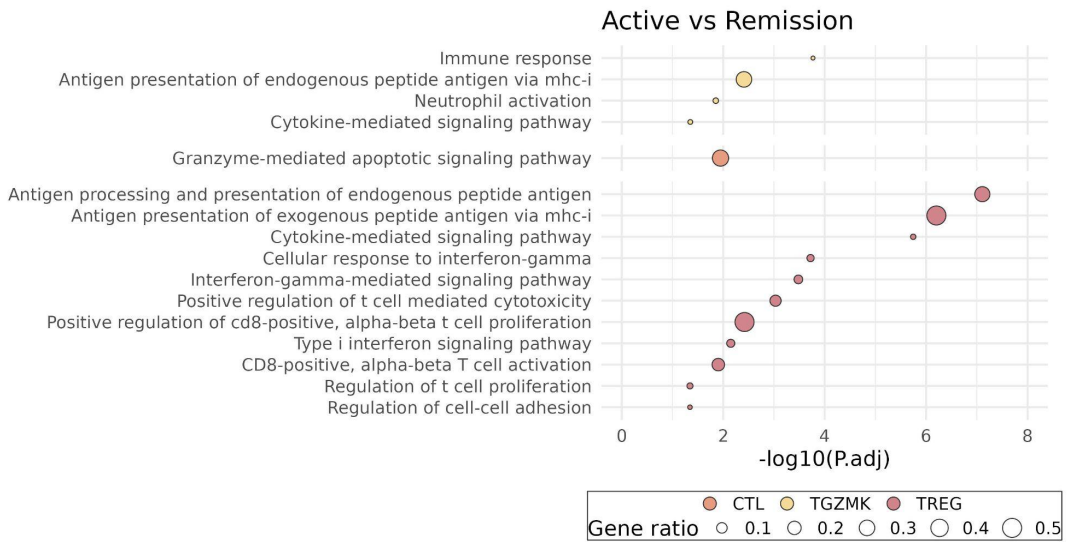
avg_log2FC: \log_2 de la tasa de cambio de la expresión media entre los 2 grupo comparados. *pct.1*: porcentaje de expresión en el grupo 1; *pct.2*: porcentaje de expresión en el grupo 2. *p_val_adj*: p valor corregido por Bonferroni.

Anexo 19. Vías moleculares enriquecidas para cada tipo celular en el conjunto de genes diferencialmente expresados entre subgrupos de individuos.

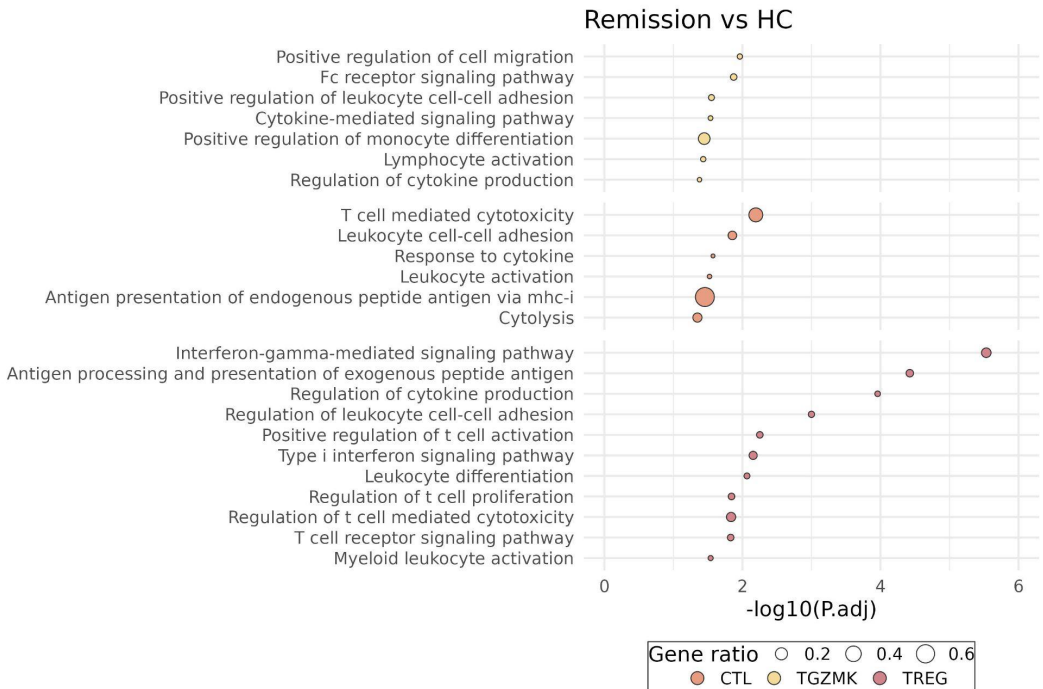
a)



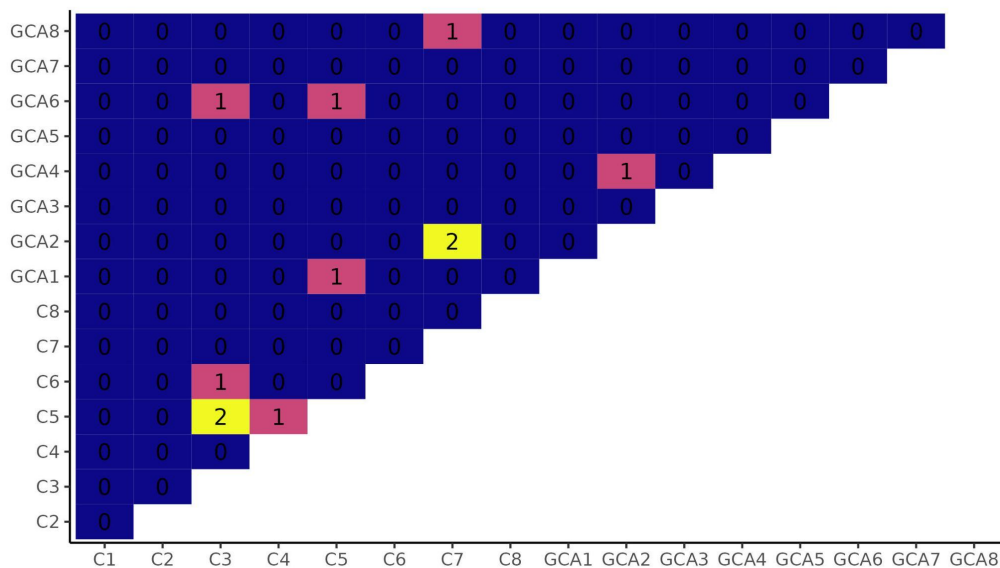
b)



c)



Anexo 20. Heatmap que muestra el número de secuencias CDR3 idénticas compartidas entre clones TCR expandidos de pacientes con arteritis de células gigantes e individuos sanos.



Anexo 21. Factores de transcripción (TF) que muestran una actividad diferencial significativa y efectos moderados o grandes entre pacientes con arteritis de células gigantes activa y controles sanos.

Tipo celular	TF	Actividad media activos	Actividad media remisión	Actividad media control	Hedge's G	p valor	FDR
TCM	MYC	19.2477	19.4148	19.8162	-0.5352	0.0000	0.0000
GZMK+	MYC	19.1236	19.1715	19.7338	-0.5574	4.71E-83	1.52E-80

Anexo 22. Factores de transcripción (TF) que muestran una actividad diferencial significativa y efectos moderados o grandes entre pacientes con arteritis de células gigantes en remisión y controles sanos.

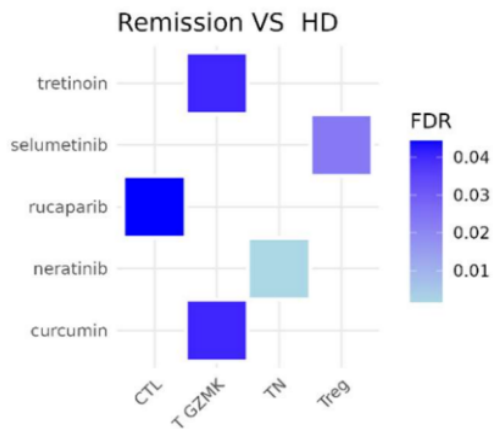
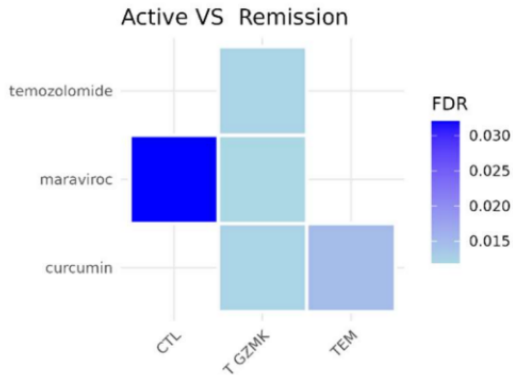
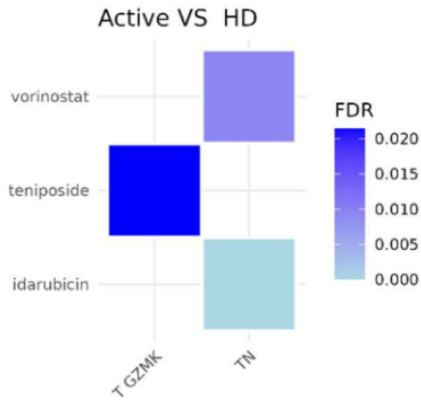
Tipo celular	TF	Actividad media activos	Actividad media remisión	Actividad media control	Hedge's G	p valor	FDR
TN	TTF1	0.7552	0.9602	0.5381	0.6963	0.0000	0.0000
	KLF3	2.3347	1.7643	2.1563	-0.5208	0.0000	0.0000
TCM	TTF1	0.9237	1.0291	0.6450	0.5764	8.20E-168	2.65E-165
	TBPL1	0.3600	0.5631	0.0090	0.5683	8.45E-153	1.82E-150
	ZBED1	8.1182	8.3909	7.8758	0.5021	2.27E-121	2.44E-119
	JUN	5.6388	5.2740	5.8936	-0.5065	5.90E-119	5.43E-117
	SP1	5.1055	4.7656	5.3269	-0.5315	3.90E-130	5.02E-128
	NFKB1	5.5069	4.9500	5.5513	-0.5357	1.63E-133	2.62E-131
TEM	TBPL1	0.4481	0.8443	0.3179	0.5305	1.21E-11	2.27E-09
T GZMK	TTF1	1.0873	1.2255	0.8114	0.6018	8.38E-38	3.56E-35
	TBPL1	0.4601	0.7372	0.1841	0.5648	2.71E-31	4.36E-29
	ZBED1	8.0519	8.2713	7.7559	0.5080	3.73E-28	4.01E-26
	MYC	19.1236	19.1715	19.7338	-0.5114	1.43E-31	3.07E-29
	SP1	5.4745	5.1612	5.7261	-0.5390	1.04E-30	1.34E-28
Treg	ZBED1	7.9777	8.2546	7.6269	0.5506	2.48E-29	2.28E-27
	ATF2	2.0332	1.6928	2.1881	-0.5093	4.16E-25	1.92E-23
	NFKB2	4.4736	4.0931	4.5691	-0.5151	2.99E-27	1.61E-25
	NFKB	6.3486	5.8057	6.5022	-0.5317	1.99E-26	9.88E-25
	ZFX	6.3465	5.8337	6.4123	-0.5327	8.18E-29	6.32E-27
	HIVEP2	10.8153	9.9521	10.8191	-0.5355	6.14E-30	6.60E-28
	REL	3.9386	3.6271	4.2563	-0.5418	3.05E-28	1.79E-26
	RELA	5.7252	5.2449	5.9317	-0.5482	8.81E-29	6.32E-27
	SMAD4	0.9398	0.5539	1.0417	-0.5561	2.86E-28	1.79E-26
	ATF3	2.5895	2.2761	2.8935	-0.6086	2.61E-35	3.36E-33
	SP1	5.2845	4.8937	5.5507	-0.6191	1.18E-36	1.90E-34
	NFKB1	5.5965	5.0111	5.7291	-0.6333	1.98E-38	9.99E-36
	TP53	5.6723	5.2816	5.9651	-0.6339	3.10E-38	9.99E-36
JUN	5.7101	5.3244	6.0616	-0.6419	4.55E-37	9.78E-35	
CTL	ZBED1	7.5251	7.9599	7.3503	0.5975	6.40E-10	1.98E-07
	ELF2	1.3393	0.8931	1.3620	-0.5331	4.13E-08	2.96E-06
	ZNF395	0.4036	0.0053	0.4430	-0.5473	9.21E-10	1.98E-07
	JUN	6.9113	6.4084	7.0243	-0.5515	6.64E-08	3.89E-06
	SPIC	0.3593	-0.0257	0.4091	-0.5631	1.55E-08	2.00E-07

	ZFX	6.7949	6.2419	6.7688	-0.5728	4.98E-08	3.21E-06
	MBD1	3.1808	2.6011	3.0666	-0.5772	1.48E-09	2.00E-07
	HIVEP2	12.5222	11.6482	12.4911	-0.6144	3.65E-09	3.59E-07
	MSX1	2.2222	1.9284	2.3326	-0.6297	3.90E-09	3.59E-07
	ZGLP1	5.3779	4.6348	5.5406	-0.6728	4.96E-11	3.20E-08

Anexo 23. Factores de transcripción (TF) que muestran una actividad diferencial significativa y efectos moderados o grandes entre pacientes con arteritis de células gigantes activa y pacientes en remisión.

Tipo celular	TF	Actividad media activos	Actividad media remisión	Actividad media control	Hedge's G	p valor	FDR
TN	KLF3	2.3347	1.7643	2.1563	0.7183	0.0000	0.0000
	ZFX	5.5531	5.0341	5.4582	0.5115	0.0000	0.0000
TCM	KLF3	2.5200	2.0489	2.4212	0.5384	1.29E-125	8.34E-123
	HIVEP2	10.2422	9.5012	9.9138	0.5247	8.24E-113	1.77E-110
	PTF1A	1.5645	1.1298	1.4282	0.5161	1.64E-123	5.27E-121
TEM	CTCF	1.6226	1.1443	1.4861	0.5824	2.14E-14	1.01E-11
	RELA	6.3321	5.6245	6.1132	0.5467	3.12E-14	1.01E-11
	HLX	2.1632	1.5437	1.7885	0.5348	8.56E-13	1.38E-10
	KLF3	2.7156	2.1777	2.5181	0.5254	2.72E-11	2.11E-09
	HSF1	3.1771	2.5771	2.9343	0.5225	2.95E-11	2.11E-09
	SP1	6.2074	5.6250	6.0846	0.5163	3.47E-13	7.47E-11
	NFKB	7.0933	6.3713	6.8005	0.5136	3.03E-12	3.91E-10
	ZNF382	-1.8442	-1.2286	-1.4811	-0.5037	2.70E-11	2.11E-09
Treg	HIVEP2	10.8153	9.9521	10.8191	0.5539	9.17E-24	5.92E-21
CTL	TEAD1	2.1502	1.4618	1.8461	0.7875	1.70E-12	1.10E-09
	MBD1	3.1808	2.6011	3.0666	0.6657	3.44E-12	1.11E-09
	IRF5	2.3394	1.6157	2.0453	0.6339	7.94E-09	8.53E-07
	HIVEP2	12.5222	11.6482	12.4911	0.6220	2.37E-09	3.06E-07
	HOXA1	2.8739	2.3542	2.7399	0.6037	7.42E-09	1.20E-07
	KLF13	2.6177	2.1089	2.3279	0.5975	9.47E-07	3.59E-05
	ZFX	6.7949	6.2419	6.7688	0.5944	2.65E-08	2.29E-06
	IRF6	4.6061	3.9916	4.4081	0.5563	2.10E-05	4.10E-04
	CEBPD	1.7181	1.3059	1.6673	0.5365	1.45E-06	4.67E-05
	ELF2	1.3393	0.8931	1.3620	0.5054	9.93E-08	7.12E-06
	ZGLP1	5.3779	4.6348	5.5406	0.5001	1.99E-07	1.16E-05
	MEIS1	-0.8912	-0.5228	-0.6964	-0.5135	6.88E-07	2.96E-05
	ZBTB14	-0.3322	0.4495	-0.0708	-0.6844	1.19E-11	2.56E-09

Anexo 24. Fármacos potencialmente reposicionables en GCA.



REFERENCIAS

1. Hunder GG, Arend WP, Bloch DA, et al. The American College of Rheumatology 1990 criteria for the classification of vasculitis. Introduction. *Arthritis Rheum* 1990; 33: 1065–1067.
2. Jennette JC, Falk RJ, Andrassy K, et al. Nomenclature of systemic vasculitides. Proposal of an international consensus conference. *Arthritis Rheum* 1994; 37: 187–192.
3. Jennette JC, Falk RJ, Bacon PA, et al. 2012 revised International Chapel Hill Consensus Conference Nomenclature of Vasculitides. *Arthritis Rheum* 2013; 65: 1–11.
4. Bilton EJ, Mollan SP. Giant cell arteritis: reviewing the advancing diagnostics and management. *Eye* 2023; 37: 2365–2373.
5. Hunder GG. The early history of giant cell arteritis and polymyalgia rheumatica: first descriptions to 1970. *Mayo Clin Proc* 2006; 81: 1071–1083.
6. Kermani TA, Schäfer VS, Crowson CS, et al. Increase in age at onset of giant cell arteritis: a population-based study. *Ann Rheum Dis* 2010; 69: 780–781.
7. van der Geest KSM, Sandovici M, Brouwer E, et al. Diagnostic Accuracy of Symptoms, Physical Signs, and Laboratory Tests for Giant Cell Arteritis: A Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA Intern Med* 2020; 180: 1295–1304.
8. Watts RA, Hatemi G, Burns JC, et al. Global epidemiology of vasculitis. *Nat Rev Rheumatol* 2022; 18: 22–34.
9. Li KJ, Semenov D, Turk M, et al. A meta-analysis of the epidemiology of giant cell arteritis across time and space. *Arthritis Res Ther* 2021; 23: 82.
10. Sharma A, Mohammad AJ, Turesson C. Incidence and prevalence of giant cell arteritis and polymyalgia rheumatica: A systematic literature review. *Semin Arthritis Rheum* 2020; 50: 1040–1048.
11. Hellmich B, Agueda A, Monti S, et al. 2018 Update of the EULAR recommendations for the management of large vessel vasculitis. *Ann Rheum Dis* 2020; 79: 19–30.
12. Koster MJ, Matteson EL, Warrington KJ. Large-vessel giant cell arteritis: diagnosis, monitoring and management. *Rheumatology* 2018; 57: ii32–ii42.

13. Robinette ML, Rao DA, Monach PA. The Immunopathology of Giant Cell Arteritis Across Disease Spectra. *Front Immunol* 2021; 12: 623716.
14. Tomelleri A, Campochiaro C, Sartorelli S, et al. Presenting features and outcomes of cranial-limited and large-vessel giant cell arteritis: a retrospective cohort study. *Scand J Rheumatol* 2022; 51: 59–66.
15. Boiardi L, Galli E, Macchioni P, et al. Takayasu arteritis and large-vessel giant cell arteritis in Italian population. Comprehensive analysis from a single institutional cohort of 184 cases. *Semin Arthritis Rheum* 2023; 59: 152173.
16. Neshar G. The diagnosis and classification of giant cell arteritis. *J Autoimmun* 2014; 48-49: 73–75.
17. Dejaco C, Duftner C, Buttgerit F, et al. The spectrum of giant cell arteritis and polymyalgia rheumatica: revisiting the concept of the disease. *Rheumatology* 2017; 56: 506–515.
18. Dejaco C, Brouwer E, Mason JC, et al. Giant cell arteritis and polymyalgia rheumatica: current challenges and opportunities. *Nat Rev Rheumatol* 2017; 13: 578–592.
19. Buttgerit F, Dejaco C, Matteson EL, et al. Polymyalgia Rheumatica and Giant Cell Arteritis: A Systematic Review. *JAMA* 2016; 315: 2442–2458.
20. Farina N, Tomelleri A, Campochiaro C, et al. Giant cell arteritis: Update on clinical manifestations, diagnosis, and management. *Eur J Intern Med* 2023; 107: 17–26.
21. Salvarani C, Pipitone N, Versari A, et al. Clinical features of polymyalgia rheumatica and giant cell arteritis. *Nat Rev Rheumatol* 2012; 8: 509–521.
22. Weyand CM, Fulbright JW, Hunder GG, et al. Treatment of giant cell arteritis: interleukin-6 as a biologic marker of disease activity. *Arthritis Rheum* 2000; 43: 1041–1048.
23. Dejaco C, Ramiro S, Bond M, et al. EULAR recommendations for the use of imaging in large vessel vasculitis in clinical practice: 2023 update. *Ann Rheum Dis*. Epub ahead of print 7 August 2023. DOI: 10.1136/ard-2023-224543.
24. Prieto-González S, Arguis P, Cid MC. Imaging in systemic vasculitis. *Curr Opin Rheumatol* 2015; 27: 53–62.
25. Hernández-Rodríguez J, Murgia G, Villar I, et al. Description and Validation of Histological Patterns and Proposal of a Dynamic Model of Inflammatory Infiltration in Giant-cell Arteritis. *Medicine* 2016; 95: e2368.
26. Ruediger C, Ninan J, Dyer K, et al. Diagnosis of giant cell arteritis by

- temporal artery biopsy is associated with biopsy length. *Front Med* 2022; 9: 1055178.
27. Pugh D, Karabayas M, Basu N, et al. Large-vessel vasculitis. *Nat Rev Dis Primers* 2022; 7: 93.
 28. Ramon A, Greigert H, Ornetti P, et al. Mimickers of Large Vessel Giant Cell Arteritis. *J Clin Med Res*; 11. Epub ahead of print 19 January 2022. DOI: 10.3390/jcm11030495.
 29. Watanabe R, Kiji M, Hashimoto M. Vasculitis associated with VEXAS syndrome: A literature review. *Front Med* 2022; 9: 983939.
 30. Rubenstein E, Maldini C, Gonzalez-Chiappe S, et al. Sensitivity of temporal artery biopsy in the diagnosis of giant cell arteritis: a systematic literature review and meta-analysis. *Rheumatology* 2020; 59: 1011–1020.
 31. Hunder GG, Bloch DA, Michel BA, et al. The American College of Rheumatology 1990 criteria for the classification of giant cell arteritis. *Arthritis Rheum* 1990; 33: 1122–1128.
 32. Ponte C, Grayson PC, Robson JC, et al. 2022 American College of Rheumatology/EULAR Classification Criteria for Giant Cell Arteritis. *Arthritis Rheumatol* 2022; 74: 1881–1889.
 33. Mukhtyar C, Guillevin L, Cid MC, et al. EULAR recommendations for the management of large vessel vasculitis. *Ann Rheum Dis* 2009; 68: 318–323.
 34. Maz M, Chung SA, Abril A, et al. 2021 American College of Rheumatology/Vasculitis Foundation Guideline for the Management of Giant Cell Arteritis and Takayasu Arteritis. *Arthritis Rheumatol* 2021; 73: 1349–1365.
 35. Stone JH, Tuckwell K, Dimonaco S, et al. Glucocorticoid Dosages and Acute-Phase Reactant Levels at Giant Cell Arteritis Flare in a Randomized Trial of Tocilizumab. *Arthritis Rheumatol* 2019; 71: 1329–1338.
 36. Krupa WM, Dewan M, Jeon M-S, et al. Trapping of misdirected dendritic cells in the granulomatous lesions of giant cell arteritis. *Am J Pathol* 2002; 161: 1815–1823.
 37. Akiyama M, Ohtsuki S, Berry GJ, et al. Innate and Adaptive Immunity in Giant Cell Arteritis. *Front Immunol* 2020; 11: 621098.
 38. Ma-Krupa W, Kwan M, Goronzy JJ, et al. Toll-like receptors in giant cell arteritis. *Clin Immunol* 2005; 115: 38–46.
 39. Zhang H, Watanabe R, Berry GJ, et al. Immunoinhibitory checkpoint deficiency in medium and large vessel vasculitis. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2017; 114: E970–E979.

40. Ma-Krupa W, Jeon M-S, Spoerl S, et al. Activation of arterial wall dendritic cells and breakdown of self-tolerance in giant cell arteritis. *J Exp Med* 2004; 199: 173–183.
41. Pryshchep O, Ma-Krupa W, Younge BR, et al. Vessel-specific Toll-like receptor profiles in human medium and large arteries. *Circulation* 2008; 118: 1276–1284.
42. Samson M, Audia S, Fraszczak J, et al. Th1 and Th17 lymphocytes expressing CD161 are implicated in giant cell arteritis and polymyalgia rheumatica pathogenesis. *Arthritis Rheum* 2012; 64: 3788–3798.
43. Noack M, Miossec P. Th17 and regulatory T cell balance in autoimmune and inflammatory diseases. *Autoimmun Rev* 2014; 13: 668–677.
44. Cavazza A, Muratore F, Boiardi L, et al. Inflamed temporal artery: histologic findings in 354 biopsies, with clinical correlations. *Am J Surg Pathol* 2014; 38: 1360–1370.
45. Cid MC, Cebrián M, Font C, et al. Cell adhesion molecules in the development of inflammatory infiltrates in giant cell arteritis: inflammation-induced angiogenesis as the preferential site of leukocyte-endothelial cell interactions. *Arthritis Rheum* 2000; 43: 184–194.
46. Watanabe R, Maeda T, Zhang H, et al. MMP (Matrix Metalloprotease)-9-Producing Monocytes Enable T Cells to Invade the Vessel Wall and Cause Vasculitis. *Circ Res* 2018; 123: 700–715.
47. Wen Z, Shen Y, Berry G, et al. The microvascular niche instructs T cells in large vessel vasculitis via the VEGF-Jagged1-Notch pathway. *Sci Transl Med*; 9. Epub ahead of print 19 July 2017. DOI: 10.1126/scitranslmed.aal3322.
48. Piggott K, Deng J, Warrington K, et al. Blocking the NOTCH pathway inhibits vascular inflammation in large-vessel vasculitis. *Circulation* 2011; 123: 309–318.
49. Weyand CM, Berry GJ, Goronzy JJ. The immunoinhibitory PD-1/PD-L1 pathway in inflammatory blood vessel disease. *J Leukoc Biol* 2018; 103: 565–575.
50. Terrier B, Geri G, Chouraqui W, et al. Interleukin-21 modulates Th1 and Th17 responses in giant cell arteritis. *Arthritis Rheum* 2012; 64: 2001–2011.
51. Miyabe C, Miyabe Y, Strle K, et al. An expanded population of pathogenic regulatory T cells in giant cell arteritis is abrogated by IL-6 blockade therapy. *Ann Rheum Dis* 2017; 76: 898–905.
52. Corbera-Bellalta M, Planas-Rigol E, Lozano E, et al. Blocking interferon γ reduces expression of chemokines CXCL9, CXCL10 and CXCL11 and

- decreases macrophage infiltration in ex vivo cultured arteries from patients with giant cell arteritis. *Ann Rheum Dis* 2016; 75: 1177–1186.
53. Samson M, Ly KH, Tournier B, et al. Involvement and prognosis value of CD8(+) T cells in giant cell arteritis. *J Autoimmun* 2016; 72: 73–83.
 54. van Sleen Y, Graver JC, Abdulahad WH, et al. Leukocyte Dynamics Reveal a Persistent Myeloid Dominance in Giant Cell Arteritis and Polymyalgia Rheumatica. *Front Immunol* 2019; 10: 1981.
 55. Esen I, Jiemy WF, van Sleen Y, et al. Functionally Heterogenous Macrophage Subsets in the Pathogenesis of Giant Cell Arteritis: Novel Targets for Disease Monitoring and Treatment. *J Clin Med Res*; 10. Epub ahead of print 26 October 2021. DOI: 10.3390/jcm10214958.
 56. Cid MC, Hoffman MP, Hernández-Rodríguez J, et al. Association between increased CCL2 (MCP-1) expression in lesions and persistence of disease activity in giant-cell arteritis. *Rheumatology* 2006; 45: 1356–1363.
 57. van Sleen Y, Wang Q, van der Geest KSM, et al. Involvement of Monocyte Subsets in the Immunopathology of Giant Cell Arteritis. *Sci Rep* 2017; 7: 6553.
 58. Salvarani C, Cantini F, Hunder GG. Polymyalgia rheumatica and giant-cell arteritis. *Lancet* 2008; 372: 234–245.
 59. Jiemy WF, van Sleen Y, van der Geest KS, et al. Distinct macrophage phenotypes skewed by local granulocyte macrophage colony-stimulating factor (GM-CSF) and macrophage colony-stimulating factor (M-CSF) are associated with tissue destruction and intimal hyperplasia in giant cell arteritis. *Clin Transl Immunology* 2020; 9: e1164.
 60. Segarra M, García-Martínez A, Sánchez M, et al. Gelatinase expression and proteolytic activity in giant-cell arteritis. *Ann Rheum Dis* 2007; 66: 1429–1435.
 61. Samson M, Corbera-Bellalta M, Audia S, et al. Recent advances in our understanding of giant cell arteritis pathogenesis. *Autoimmun Rev* 2017; 16: 833–844.
 62. Greigert H, Genet C, Ramon A, et al. New Insights into the Pathogenesis of Giant Cell Arteritis: Mechanisms Involved in Maintaining Vascular Inflammation. *J Clin Med Res*; 11. Epub ahead of print 20 May 2022. DOI: 10.3390/jcm11102905.
 63. Graver JC, Boots AMH, Haacke EA, et al. Massive B-Cell Infiltration and Organization Into Artery Tertiary Lymphoid Organs in the Aorta of Large Vessel Giant Cell Arteritis. *Front Immunol* 2019; 10: 83.
 64. Wang L, Ai Z, Khoiratty T, et al. ROS-producing immature neutrophils in

giant cell arteritis are linked to vascular pathologies. *JCI Insight*; 5. Epub ahead of print 15 October 2020. DOI: 10.1172/jci.insight.139163.

65. Palamidas DA, Argyropoulou OD, Georgantzoglou N, et al. Neutrophil extracellular traps in giant cell arteritis biopsies: presentation, localization and co-expression with inflammatory cytokines. *Rheumatology* 2022; 61: 1639–1644.
66. Liozon E, Ouattara B, Rhaïem K, et al. Familial aggregation in giant cell arteritis and polymyalgia rheumatica: a comprehensive literature review including 4 new families. *Clin Exp Rheumatol* 2009; 27: S89–94.
67. Bartolome MJ, Martínez-Taboda VM, Lopez-Hoyos M, et al. Familial aggregation of polymyalgia rheumatica and giant cell arteritis: genetic and T cell repertoire analysis. *Clin Exp Rheumatol* 2001; 19: 259–264.
68. Durand M, Thomas SL. Incidence of infections in patients with giant cell arteritis: a cohort study. *Arthritis Care Res* 2012; 64: 581–588.
69. Stamatis P, Turkiewicz A, Englund M, et al. Infections Are Associated With Increased Risk of Giant Cell Arteritis: A Population-based Case-control Study from Southern Sweden. *J Rheumatol* 2021; 48: 251–257.
70. Elling P, Olsson AT, Elling H. Synchronous variations of the incidence of temporal arteritis and polymyalgia rheumatica in different regions of Denmark; association with epidemics of *Mycoplasma pneumoniae* infection. *J Rheumatol* 1996; 23: 112–119.
71. van Timmeren MM, Heeringa P, Kallenberg CGM. Infectious triggers for vasculitis. *Curr Opin Rheumatol* 2014; 26: 416–423.
72. Pipitone N, Salvarani C. The role of infectious agents in the pathogenesis of vasculitis. *Best Pract Res Clin Rheumatol* 2008; 22: 897–911.
73. Bhatt AS, Manzo VE, Pedomallu CS, et al. In search of a candidate pathogen for giant cell arteritis: sequencing-based characterization of the giant cell arteritis microbiome. *Arthritis Rheumatol* 2014; 66: 1939–1944.
74. Nagel MA, White T, Khmeleva N, et al. Analysis of Varicella-Zoster Virus in Temporal Arteries Biopsy Positive and Negative for Giant Cell Arteritis. *JAMA Neurol* 2015; 72: 1281–1287.
75. Larsson K, Mellström D, Nordborg E, et al. Early menopause, low body mass index, and smoking are independent risk factors for developing giant cell arteritis. *Ann Rheum Dis* 2006; 65: 529–532.
76. Zhao TV, Sato Y, Goronzy JJ, et al. T-Cell Aging-Associated Phenotypes in Autoimmune Disease. *Front Aging* 2022; 3: 867950.
77. Mohan SV, Liao YJ, Kim JW, et al. Giant cell arteritis: immune and vascular

- aging as disease risk factors. *Arthritis Res Ther* 2011; 13: 231.
78. Jiemy WF, van Sleen Y, Graver JC, et al. Indication of Activated Senescence Pathways in the Temporal Arteries of Patients With Giant Cell Arteritis. *Arthritis Rheumatol* 2023; 75: 1812–1818.
 79. Watanabe R, Hashimoto M. Aging-Related Vascular Inflammation: Giant Cell Arteritis and Neurological Disorders. *Front Aging Neurosci* 2022; 14: 843305.
 80. Gloor AD, Berry GJ, Goronzy JJ, et al. Age as a risk factor in vasculitis. *Semin Immunopathol* 2022; 44: 281–301.
 81. Klein SL, Flanagan KL. Sex differences in immune responses. *Nat Rev Immunol* 2016; 16: 626–638.
 82. Ober C, Loisel DA, Gilad Y. Sex-specific genetic architecture of human disease. *Nat Rev Genet* 2008; 9: 911–922.
 83. Abdullah M, Chai P-S, Chong M-Y, et al. Gender effect on in vitro lymphocyte subset levels of healthy individuals. *Cell Immunol* 2012; 272: 214–219.
 84. Sankaran-Walters S, Macal M, Grishina I, et al. Sex differences matter in the gut: effect on mucosal immune activation and inflammation. *Biol Sex Differ* 2013; 4: 10.
 85. Uffelmann E, Huang QQ, Munung NS, et al. Genome-wide association studies. *Nature Reviews Methods Primers* 2021; 1: 1–21.
 86. Marchini J, Howie B. Genotype imputation for genome-wide association studies. *Nat Rev Genet* 2010; 11: 499–511.
 87. Acosta-Herrera M, González-Gay MA, Martín J, et al. Leveraging Genetic Findings for Precision Medicine in Vasculitis. *Front Immunol* 2019; 10: 1796.
 88. Weyand CM, Hicok KC, Hunder GG, et al. The HLA-DRB1 locus as a genetic component in giant cell arteritis. Mapping of a disease-linked sequence motif to the antigen binding site of the HLA-DR molecule. *J Clin Invest* 1992; 90: 2355–2361.
 89. Gonzalez-Gay MA, Garcia-Porrua C, Hajeer AH, et al. HLA-DRB1*04 may be a marker of severity in giant cell arteritis. *Annals of the rheumatic diseases* 2000; 59: 574–575.
 90. Márquez A, Solans R, Hernández-Rodríguez J, et al. A candidate gene approach identifies an IL33 genetic variant as a novel genetic risk factor for GCA. *PLoS One* 2014; 9: e113476.

91. Márquez A, Hernández-Rodríguez J, Cid MC, et al. Influence of the IL17A locus in giant cell arteritis susceptibility. *Ann Rheum Dis* 2014; 73: 1742–1745.
92. Serrano A, Carmona FD, Castañeda S, et al. Evidence of association of the NLRP1 gene with giant cell arteritis. *Ann Rheum Dis* 2013; 72: 628–630.
93. Carmona FD, Mackie SL, Martín J-E, et al. A large-scale genetic analysis reveals a strong contribution of the HLA class II region to giant cell arteritis susceptibility. *Am J Hum Genet* 2015; 96: 565–580.
94. Carmona FD, Vaglio A, Mackie SL, et al. A Genome-wide Association Study Identifies Risk Alleles in Plasminogen and P4HA2 Associated with Giant Cell Arteritis. *Am J Hum Genet* 2017; 100: 64–74.
95. Zhang J, Zahir N, Jiang Q, et al. The autoimmune disease-associated PTPN22 variant promotes calpain-mediated Lyp/Pep degradation associated with lymphocyte and dendritic cell hyperresponsiveness. *Nat Genet* 2011; 43: 902–907.
96. Miles LA, Parmer RJ. Plasminogen receptors: the first quarter century. *Semin Thromb Hemost* 2013; 39: 329–337.
97. Gilkes DM, Bajpai S, Chaturvedi P, et al. Hypoxia-inducible factor 1 (HIF-1) promotes extracellular matrix remodeling under hypoxic conditions by inducing P4HA1, P4HA2, and PLOD2 expression in fibroblasts. *J Biol Chem* 2013; 288: 10819–10829.
98. Parkes M, Cortes A, van Heel DA, et al. Genetic insights into common pathways and complex relationships among immune-mediated diseases. *Nat Rev Genet* 2013; 14: 661–673.
99. Zhernakova A, Withoff S, Wijmenga C. Clinical implications of shared genetics and pathogenesis in autoimmune diseases. *Nat Rev Endocrinol* 2013; 9: 646–659.
100. Acosta-Herrera M, Kerick M, González-Serna D, et al. Genome-wide meta-analysis reveals shared new loci in systemic seropositive rheumatic diseases. *Ann Rheum Dis* 2019; 78: 311–319.
101. Ellinghaus D, Jostins L, Spain SL, et al. Analysis of five chronic inflammatory diseases identifies 27 new associations and highlights disease-specific patterns at shared loci. *Nat Genet* 2016; 48: 510–518.
102. Li YR, Li J, Zhao SD, et al. Meta-analysis of shared genetic architecture across ten pediatric autoimmune diseases. *Nat Med* 2015; 21: 1018–1027.
103. Márquez A, Kerick M, Zhernakova A, et al. Meta-analysis of ImmunoChip data of four autoimmune diseases reveals novel single-disease and cross-phenotype associations. *Genome Med* 2018; 10:

97.

104. Carmona FD, Coit P, Saruhan-Direskeneli G, et al. Analysis of the common genetic component of large-vessel vasculitides through a meta-immunochip strategy. *Sci Rep* 2017; 7: 43953.
105. Ortiz-Fernández L, Carmona FD, López-Mejías R, et al. Cross-phenotype analysis of Immunochip data identifies KDM4C as a relevant locus for the development of systemic vasculitis. *Ann Rheum Dis* 2018; 77: 589–595.
106. Carmona EG, García-Giménez JA, López-Mejías R, et al. Identification of a shared genetic risk locus for Kawasaki disease and immunoglobulin A vasculitis by a cross-phenotype meta-analysis. *Rheumatology* 2022; 61: 1204–1210.
107. Li B, Ritchie MD. From GWAS to Gene: Transcriptome-Wide Association Studies and Other Methods to Functionally Understand GWAS Discoveries. *Front Genet* 2021; 12: 713230.
108. Wang Z, Gerstein M, Snyder M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nat Rev Genet* 2009; 10: 57–63.
109. De Smit E, Lukowski SW, Anderson L, et al. Longitudinal expression profiling of CD4+ and CD8+ cells in patients with active to quiescent giant cell arteritis. *BMC Med Genomics* 2018; 11: 61.
110. Adriawan IR, Atschekzei F, Dittrich-Breiholz O, et al. Novel aspects of regulatory T cell dysfunction as a therapeutic target in giant cell arteritis. *Ann Rheum Dis* 2022; 81: 124–131.
111. Matsumoto K, Suzuki K, Yoshida H, et al. Distinct gene signatures of monocytes and B cells in patients with giant cell arteritis: a longitudinal transcriptome analysis. *Arthritis Res Ther* 2023; 25: 1.
112. Aldridge S, Teichmann SA. Single cell transcriptomics comes of age. *Nat Commun* 2020; 11: 4307.
113. Stubbington MJT, Rozenblatt-Rosen O, Regev A, et al. Single-cell transcriptomics to explore the immune system in health and disease. *Science* 2017; 358: 58–63.
114. Perez RK, Gordon MG, Subramaniam M, et al. Single-cell RNA-seq reveals cell type-specific molecular and genetic associations to lupus. *Science* 2022; 376: eabf1970.
115. Alivernini S, MacDonald L, Elmesmari A, et al. Distinct synovial tissue macrophage subsets regulate inflammation and remission in rheumatoid arthritis. *Nat Med* 2020; 26: 1295–1306.

116. Aoyagi R, Maehara T, Koga R, et al. Single-cell transcriptomics reveals granzyme K-expressing cytotoxic Tfh cells in tertiary lymphoid structures in IgG4-RD. *J Allergy Clin Immunol*. Epub ahead of print 29 August 2023. DOI: 10.1016/j.jaci.2023.08.019.
117. Kuret T, Sodin-Šemrl S, Leskošek B, et al. Single Cell RNA Sequencing in Autoimmune Inflammatory Rheumatic Diseases: Current Applications, Challenges and a Step Toward Precision Medicine. *Front Med* 2021; 8: 822804.
118. Wu X, Liu Y, Jin S, et al. Single-cell sequencing of immune cells from anticitrullinated peptide antibody positive and negative rheumatoid arthritis. *Nat Commun* 2021; 12: 4977.
119. Chang L, Zheng Z, Xiao F, et al. Single-cell Clonal Tracing of Glandular and Circulating T cells identifies a population of CD9+CD8+T cells in primary Sjogren's Syndrome. *J Leukoc Biol*. Epub ahead of print 3 July 2023. DOI: 10.1093/leuko/qjad071.
120. Penkava F, Velasco-Herrera MDC, Young MD, et al. Single-cell sequencing reveals clonal expansions of pro-inflammatory synovial CD8 T cells expressing tissue-homing receptors in psoriatic arthritis. *Nat Commun* 2020; 11: 4767.
121. Lyons PA, Peters JE, Alberici F, et al. Genome-wide association study of eosinophilic granulomatosis with polyangiitis reveals genomic loci stratified by ANCA status. *Nat Commun* 2019; 10: 5120.
122. Lyons PA, Rayner TF, Trivedi S, et al. Genetically distinct subsets within ANCA-associated vasculitis. *N Engl J Med* 2012; 367: 214–223.
123. Ortiz-Fernández L, Saruhan-Direskeneli G, Alibaz-Oner F, et al. Identification of susceptibility loci for Takayasu arteritis through a large multi-ancestral genome-wide association study. *Am J Hum Genet* 2021; 108: 84–99.
124. Remmers EF, Cosan F, Kirino Y, et al. Genome-wide association study identifies variants in the MHC class I, IL10, and IL23R-IL12RB2 regions associated with Behçet's disease. *Nat Genet* 2010; 42: 698–702.
125. Ortiz Fernández L, Coit P, Yilmaz V, et al. Genetic Association of a Gain-of-Function IFNGR1 Polymorphism and the Intergenic Region LNCAROD/DKK1 With Behçet's Disease. *Arthritis Rheumatol* 2021; 73: 1244–1252.
126. Chang CC, Chow CC, Tellier LC, et al. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience* 2015; 4: 7.
127. Das S, Forer L, Schönherr S, et al. Next-generation genotype imputation service and methods. *Nat Genet* 2016; 48: 1284–1287.

128. Yang J, Lee SH, Goddard ME, et al. GCTA: a tool for genome-wide complex trait analysis. *Am J Hum Genet* 2011; 88: 76–82.
129. Loh P-R, Bhatia G, Gusev A, et al. Contrasting genetic architectures of schizophrenia and other complex diseases using fast variance-components analysis. *Nat Genet* 2015; 47: 1385–1392.
130. Han B, Eskin E. Random-effects model aimed at discovering associations in meta-analysis of genome-wide association studies. *Am J Hum Genet* 2011; 88: 586–598.
131. Bhattacharjee S, Rajaraman P, Jacobs KB, et al. A subset-based approach improves power and interpretation for the combined analysis of genetic association studies of heterogeneous traits. *Am J Hum Genet* 2012; 90: 821–835.
132. Watanabe K, Taskesen E, van Bochoven A, et al. Functional mapping and annotation of genetic associations with FUMA. *Nat Commun* 2017; 8: 1826.
133. Iotchkova V, Ritchie GRS, Geihs M, et al. GARFIELD classifies disease-relevant genomic features through integration of functional annotations with association signals. *Nat Genet* 2019; 51: 343–353.
134. Wishart DS, Feunang YD, Guo AC, et al. DrugBank 5.0: a major update to the DrugBank database for 2018. *Nucleic Acids Res* 2018; 46: D1074–D1082.
135. Xie G, Roshandel D, Sherva R, et al. Association of granulomatosis with polyangiitis (Wegener's) with HLA-DPB1*04 and SEMA6A gene variants: evidence from genome-wide analysis. *Arthritis Rheum* 2013; 65: 2457–2468.
136. Kachuri L, Jeon S, DeWan AT, et al. Genetic determinants of blood-cell traits influence susceptibility to childhood acute lymphoblastic leukemia. *Am J Hum Genet* 2021; 108: 1823–1835.
137. Rong L, Chen B, Liu K, et al. CircZDBF2 up-regulates RNF145 by ceRNA model and recruits CEBPB to accelerate oral squamous cell carcinoma progression via NFκB signaling pathway. *J Transl Med* 2022; 20: 148.
138. Khoury P, Zagallo P, Talar-Williams C, et al. Serum biomarkers are similar in Churg-Strauss syndrome and hypereosinophilic syndrome. *Allergy* 2012; 67: 1149–1156.
139. Yang YH, Lai HJ, Huang CM, et al. Sera from children with active Henoch-Schönlein purpura can enhance the production of interleukin 8 by human umbilical venous endothelial cells. *Ann Rheum Dis* 2004; 63: 1511–1513.

140. Alibaz-Oner F, Yentür SP, Saruhan-Direskeneli G, et al. Serum cytokine profiles in Takayasu's arteritis: search for biomarkers. *Clin Exp Rheumatol* 2015; 33: S-32-5.
141. Novak T, Hamed M, Bergmeier LA, et al. Saliva and Serum Cytokine Profiles During Oral Ulceration in Behçet's Disease. *Front Immunol* 2021; 12: 724900.
142. Mountjoy E, Schmidt EM, Carmona M, et al. An open approach to systematically prioritize causal variants and genes at all published human GWAS trait-associated loci. *Nat Genet* 2021; 53: 1527-1533.
143. Rosenberg HF, Dyer KD, Foster PS. Eosinophils: changing perspectives in health and disease. *Nat Rev Immunol* 2013; 13: 9-22.
144. Ivashkiv LB, Donlin LT. Regulation of type I interferon responses. *Nat Rev Immunol* 2014; 14: 36-49.
145. Veremeyko T, Yung AWY, Anthony DC, et al. Early Growth Response Gene-2 Is Essential for M1 and M2 Macrophage Activation and Plasticity by Modulation of the Transcription Factor CEBP β . *Front Immunol* 2018; 9: 2515.
146. Okamura T, Yamamoto K, Fujio K. Early Growth Response Gene 2-Expressing CD4+LAG3+ Regulatory T Cells: The Therapeutic Potential for Treating Autoimmune Diseases. *Front Immunol* 2018; 9: 340.
147. Morita K, Okamura T, Sumitomo S, et al. Emerging roles of Egr2 and Egr3 in the control of systemic autoimmunity. *Rheumatology* 2016; 55: ii76-ii81.
148. Pan L, Wang J, Liu J, et al. Deficiency in the frequency and function of Tr1 cells in IgAV and the possible role of IL-27. *Rheumatology* 2021; 60: 3432-3442.
149. Hamoudi C, Muheidli A, Aoudjit F. β 1 Integrin induces adhesion and migration of human Th17 cells via Pyk2-dependent activation of P2X4 receptor. *Immunology* 2023; 168: 83-95.
150. Tse KWK, Lin KBL, Dang-Lawson M, et al. Small molecule inhibitors of the Pyk2 and FAK kinases modulate chemoattractant-induced migration, adhesion and Akt activation in follicular and marginal zone B cells. *Cell Immunol* 2012; 275: 47-54.
151. Sun N, Jiang L, Ye M, et al. TRIM35 mediates protection against influenza infection by activating TRAF3 and degrading viral PB2. *Protein Cell* 2020; 11: 894-914.
152. Sevilla L, Zaldumbide A, Carlotti F, et al. Bcl-XL expression correlates with primary macrophage differentiation, activation of functional

- competence, and survival and results from synergistic transcriptional activation by Ets2 and PU.1. *J Biol Chem* 2001; 276: 17800–17807.
153. Cheng C, Tempel D, Den Dekker WK, et al. Ets2 determines the inflammatory state of endothelial cells in advanced atherosclerotic lesions. *Circ Res* 2011; 109: 382–395.
 154. Reay WR, Cairns MJ. Advancing the use of genome-wide association studies for drug repurposing. *Nat Rev Genet* 2021; 22: 658–671.
 155. Weyand CM, Goronzy JJ. Immunology of Giant Cell Arteritis. *Circ Res* 2023; 132: 238–250.
 156. Espígol-Frigolé G, Corbera-Bellalta M, Planas-Rigol E, et al. Increased IL-17A expression in temporal artery lesions is a predictor of sustained response to glucocorticoid treatment in patients with giant-cell arteritis. *Ann Rheum Dis* 2013; 72: 1481–1487.
 157. Cheung P, Khatri P, Utz PJ, et al. Single-cell technologies - studying rheumatic diseases one cell at a time. *Nat Rev Rheumatol* 2019; 15: 340–354.
 158. Stuart T, Butler A, Hoffman P, et al. Comprehensive Integration of Single-Cell Data. *Cell* 2019; 177: 1888–1902.e21.
 159. McGinnis CS, Murrow LM, Gartner ZJ. DoubletFinder: Doublet Detection in Single-Cell RNA Sequencing Data Using Artificial Nearest Neighbors. *Cell Syst* 2019; 8: 329–337.e4.
 160. Choudhary S, Satija R. Comparison and evaluation of statistical error models for scRNA-seq. *Genome Biol* 2022; 23: 27.
 161. Aran D, Looney AP, Liu L, et al. Reference-based analysis of lung single-cell sequencing reveals a transitional profibrotic macrophage. *Nat Immunol* 2019; 20: 163–172.
 162. Schmiedel BJ, Singh D, Madrigal A, et al. Impact of Genetic Polymorphisms on Human Immune Cell Gene Expression. *Cell* 2018; 175: 1701–1715.e16.
 163. Cano-Gamez E, Soskic B, Roumeliotis TI, et al. Single-cell transcriptomics identifies an effectorness gradient shaping the response of CD4+ T cells to cytokines. *Nat Commun* 2020; 11: 1801.
 164. Chen Y, Lun ATL, Smyth GK. From reads to genes to pathways: differential expression analysis of RNA-Seq experiments using Rsubread and the edgeR quasi-likelihood pipeline. *F1000Res* 2016; 5: 1438.
 165. Szklarczyk D, Gable AL, Lyon D, et al. STRING v11: protein-protein association networks with increased coverage, supporting functional

- discovery in genome-wide experimental datasets. *Nucleic Acids Res* 2019; 47: D607–D613.
166. Estupiñán-Moreno E, Ortiz-Fernández L, Li T, et al. Methylome and transcriptome profiling of giant cell arteritis monocytes reveals novel pathways involved in disease pathogenesis and molecular response to glucocorticoids. *Ann Rheum Dis* 2022; 81: 1290–1300.
 167. Borcharding N, Bormann NL, Kraus G. scRepertoire: An R-based toolkit for single-cell immune receptor analysis. *F1000Res* 2020; 9: 47.
 168. Cao J, Spielmann M, Qiu X, et al. The single-cell transcriptional landscape of mammalian organogenesis. *Nature* 2019; 566: 496–502.
 169. Angerer P, Haghverdi L, Büttner M, et al. destiny: diffusion maps for large-scale single-cell data in R. *Bioinformatics* 2016; 32: 1241–1243.
 170. Badia-I-Mompel P, Vélez Santiago J, Braunger J, et al. decoupleR: ensemble of computational methods to infer biological activities from omics data. *Bioinform Adv* 2022; 2: vbac016.
 171. He B, Xiao Y, Liang H, et al. ASGARD is A Single-cell Guided Pipeline to Aid Repurposing of Drugs. *Nat Commun* 2023; 14: 993.
 172. Subramanian A, Narayan R, Corsello SM, et al. A Next Generation Connectivity Map: L1000 Platform and the First 1,000,000 Profiles. *Cell* 2017; 171: 1437–1452.e17.
 173. Della-Torre E, Bozzalla-Cassione E, Sciorati C, et al. A CD8 α - Subset of CD4+SLAMF7+ Cytotoxic T Cells Is Expanded in Patients With IgG4-Related Disease and Decreases Following Glucocorticoid Treatment. *Arthritis Rheumatol* 2018; 70: 1133–1143.
 174. Baecher-Allan C, Wolf E, Hafler DA. MHC class II expression identifies functionally distinct human regulatory T cells. *J Immunol* 2006; 176: 4622–4631.
 175. Kragten NAM, Behr FM, Vieira Braga FA, et al. Blimp-1 induces and Hobit maintains the cytotoxic mediator granzyme B in CD8 T cells. *Eur J Immunol* 2018; 48: 1644–1662.
 176. Oja AE, Vieira Braga FA, Remmerswaal EBM, et al. The Transcription Factor Hobit Identifies Human Cytotoxic CD4+ T Cells. *Front Immunol* 2017; 8: 325.
 177. Garín MI, Chu C-C, Golshayan D, et al. Galectin-1: a key effector of regulation mediated by CD4+CD25+ T cells. *Blood* 2007; 109: 2058–2065.
 178. Peiser M, Becht A, Wanner R. Antibody blocking of MHC II on human activated regulatory T cells abrogates their suppressive potential. *Allergy*

2007; 62: 773–780.

179. Gu A-D, Zhang S, Wang Y, et al. A critical role for transcription factor Smad4 in T cell function that is independent of transforming growth factor β receptor signaling. *Immunity* 2015; 42: 68–79.
180. Long M, Park S-G, Strickland I, et al. Nuclear factor-kappaB modulates regulatory T cell development by directly regulating expression of Foxp3 transcription factor. *Immunity* 2009; 31: 921–931.
181. Ruan Q, Kameswaran V, Tone Y, et al. Development of Foxp3(+) regulatory t cells is driven by the c-Rel enhanceosome. *Immunity* 2009; 31: 932–940.
182. Zheng W-P, Zhao Q, Zhao X, et al. Up-regulation of Hlx in immature Th cells induces IFN-gamma expression. *J Immunol* 2004; 172: 114–122.
183. Huang B, Ahn Y-T, McPherson L, et al. Interaction of PRP4 with Kruppel-like factor 13 regulates CCL5 transcription. *J Immunol* 2007; 178: 7081–7087.
184. Fang S, Meng X, Zhang Z, et al. Vorinostat Modulates the Imbalance of T Cell Subsets, Suppresses Macrophage Activity, and Ameliorates Experimental Autoimmune Uveoretinitis. *Neuromolecular Med* 2016; 18: 134–145.
185. Stone JH, Tuckwell K, Dimonaco S, et al. Trial of Tocilizumab in Giant-Cell Arteritis. *N Engl J Med* 2017; 377: 317–328.
186. Hong X, Meng S, Tang D, et al. Single-Cell RNA Sequencing Reveals the Expansion of Cytotoxic CD4+ T Lymphocytes and a Landscape of Immune Cells in Primary Sjögren’s Syndrome. *Front Immunol* 2020; 11: 594658.
187. Wang Y, Chen Z, Wang T, et al. A novel CD4+ CTL subtype characterized by chemotaxis and inflammation is involved in the pathogenesis of Graves’ orbitopathy. *Cell Mol Immunol* 2021; 18: 735–745.
188. Raveney BJE, Sato W, Takewaki D, et al. Involvement of cytotoxic Eomes-expressing CD4+ T cells in secondary progressive multiple sclerosis. *Proc Natl Acad Sci U S A*; 118. Epub ahead of print 16 March 2021. DOI: 10.1073/pnas.2021818118.
189. Mattoo H, Mahajan VS, Maehara T, et al. Clonal expansion of CD4(+) cytotoxic T lymphocytes in patients with IgG4-related disease. *J Allergy Clin Immunol* 2016; 138: 825–838.
190. Maehara T, Kaneko N, Perugino CA, et al. Cytotoxic CD4+ T lymphocytes may induce endothelial cell apoptosis in systemic sclerosis. *J Clin Invest* 2020; 130: 2451–2464.

191. Watson EC, Grant ZL, Coultas L. Endothelial cell apoptosis in angiogenesis and vessel regression. *Cell Mol Life Sci* 2017; 74: 4387–4403.
192. Michailidou D, Mustelin T, Lood C. Role of Neutrophils in Systemic Vasculitides. *Front Immunol* 2020; 11: 619705.
193. Cipriani S, Francisci D, Mencarelli A, et al. Efficacy of the CCR5 antagonist maraviroc in reducing early, ritonavir-induced atherogenesis and advanced plaque progression in mice. *Circulation* 2013; 127: 2114–2124.
194. Gauthier M, Kale SL, Oriss TB, et al. CCL5 is a potential bridge between type 1 and type 2 inflammation in asthma. *J Allergy Clin Immunol* 2023; 152: 94–106.e12.
195. Grunewald J, Andersson R, Rydberg L, et al. CD4+ and CD8+ T cell expansions using selected TCR V and J gene segments at the onset of giant cell arteritis. *Arthritis Rheum* 1994; 37: 1221–1227.
196. Schaufelberger C, Andersson R, Nordborg E, et al. An uneven expression of T cell receptor V genes in the arterial wall and peripheral blood in giant cell arteritis. *Inflammation* 2008; 31: 372–383.
197. Weiskopf D, Bangs DJ, Sidney J, et al. Dengue virus infection elicits highly polarized CX3CR1+ cytotoxic CD4+ T cells associated with protective immunity. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2015; 112: E4256–63.
198. van Leeuwen EMM, Remmerswaal EBM, Vossen MTM, et al. Emergence of a CD4+CD28- granzyme B+, cytomegalovirus-specific T cell subset after recovery of primary cytomegalovirus infection. *J Immunol* 2004; 173: 1834–1841.
199. Kato T, Kurokawa M, Sasakawa H, et al. Analysis of accumulated T cell clonotypes in patients with systemic lupus erythematosus. *Arthritis Rheum* 2000; 43: 2712–2721.
200. Mato T, Masuko K, Masaki Y, et al. Correlation of clonal T cell expansion with disease activity in systemic lupus erythematosus. *Int Immunol* 1997; 9: 547–554.
201. Ria F, Penitente R, De Santis M, et al. Collagen-specific T-cell repertoire in blood and synovial fluid varies with disease activity in early rheumatoid arthritis. *Arthritis Res Ther* 2008; 10: R135.
202. Samson M, Greigert H, Ciudad M, et al. Improvement of Treg immune response after treatment with tocilizumab in giant cell arteritis. *Clin Transl Immunology* 2021; 10: e1332.
203. Bluestone JA, St Clair EW, Turka LA. CTLA4Ig: bridging the basic immunology with clinical application. *Immunity* 2006; 24: 233–238.

204. Wing K, Onishi Y, Prieto-Martin P, et al. CTLA-4 control over Foxp3+ regulatory T cell function. *Science* 2008; 322: 271–275.
205. Régnier P, Le Joncour A, Maciejewski-Duval A, et al. CTLA-4 Pathway Is Instrumental in Giant Cell Arteritis. *Circ Res* 2023; 133: 298–312.
206. Jain N, Nguyen H, Chambers C, et al. Dual function of CTLA-4 in regulatory T cells and conventional T cells to prevent multiorgan autoimmunity. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2010; 107: 1524–1528.
207. Langford CA, Cuthbertson D, Ytterberg SR, et al. A Randomized, Double-Blind Trial of Abatacept (CTLA-4Ig) for the Treatment of Giant Cell Arteritis. *Arthritis Rheumatol* 2017; 69: 837–845.
208. Argyriou A, Wadsworth MH II, Lendvai A, et al. Single cell sequencing reveals expanded cytotoxic CD4+ T cells and two states of peripheral helper T cells in synovial fluid of ACPA+ RA patients. *bioRxiv*. Epub ahead of print 2 June 2021. DOI: 10.1101/2021.05.28.21255902.
209. Zhang T, Liu X, Zhao Y, et al. Excessive IL-15 promotes cytotoxic CD4 + CD28- T cell-mediated renal injury in lupus nephritis. *Immun Ageing* 2022; 19: 50.
210. Takeuchi A, Saito T. CD4 CTL, a Cytotoxic Subset of CD4+ T Cells, Their Differentiation and Function. *Front Immunol* 2017; 8: 194.
211. Zaunders JJ, Dyer WB, Wang B, et al. Identification of circulating antigen-specific CD4+ T lymphocytes with a CCR5+, cytotoxic phenotype in an HIV-1 long-term nonprogressor and in CMV infection. *Blood* 2004; 103: 2238–2247.
212. Aslan N, Yurdaydin C, Wiegand J, et al. Cytotoxic CD4 T cells in viral hepatitis. *J Viral Hepat* 2006; 13: 505–514.
213. Appay V, Zaunders JJ, Papagno L, et al. Characterization of CD4(+) CTLs ex vivo. *J Immunol* 2002; 168: 5954–5958.
214. Hoeks C, Duran G, Hellings N, et al. When Helpers Go Above and Beyond: Development and Characterization of Cytotoxic CD4+ T Cells. *Front Immunol* 2022; 13: 951900.
215. Russo MG, Waxman J, Abdoh AA, et al. Correlation between infection and the onset of the giant cell (temporal) arteritis syndrome. A trigger mechanism? *Arthritis Rheum* 1995; 38: 374–380.
216. Rhee RL, Grayson PC, Merkel PA, et al. Infections and the risk of incident giant cell arteritis: a population-based, case-control study. *Ann Rheum Dis* 2017; 76: 1031–1035.
217. Schmidt D, Martens PB, Weyand CM, et al. The repertoire of CD4+

- CD28- T cells in rheumatoid arthritis. *Mol Med* 1996; 2: 608–618.
218. Hoeks C, Vanheusden M, Peeters LM, et al. Treg-Resistant Cytotoxic CD4+ T Cells Dictate T Helper Cells in Their Vicinity: TH17 Skewing and Modulation of Proliferation. *Int J Mol Sci*; 22. Epub ahead of print 26 May 2021. DOI: 10.3390/ijms22115660.
219. Weyand CM, Goronzy JJ. Immune mechanisms in medium and large-vessel vasculitis. *Nat Rev Rheumatol* 2013; 9: 731–740.
220. Vallejo AN, Weyand CM, Goronzy JJ. T-cell senescence: a culprit of immune abnormalities in chronic inflammation and persistent infection. *Trends Mol Med* 2004; 10: 119–124.
221. Hashimoto K, Kouno T, Ikawa T, et al. Single-cell transcriptomics reveals expansion of cytotoxic CD4 T cells in supercentenarians. *Proc Natl Acad Sci U S A* 2019; 116: 24242–24251.
222. Moro-García MA, Alonso-Arias R, López-Larrea C. When Aging Reaches CD4+ T-Cells: Phenotypic and Functional Changes. *Front Immunol* 2013; 4: 107.
223. Zhang M, Chong KK, Chen Z-Y, et al. Rapamycin improves Graves' orbitopathy by suppressing CD4+ cytotoxic T lymphocytes. *JCI Insight*; 8. Epub ahead of print 8 February 2023. DOI: 10.1172/jci.insight.160377.
224. Tam V, Patel N, Turcotte M, et al. Benefits and limitations of genome-wide association studies. *Nat Rev Genet* 2019; 20: 467–484.
225. Lambert SA, Abraham G, Inouye M. Towards clinical utility of polygenic risk scores. *Hum Mol Genet* 2019; 28: R133–R142.
226. Knevel R, le Cessie S, Terao CC, et al. Using genetics to prioritize diagnoses for rheumatology outpatients with inflammatory arthritis. *Sci Transl Med*; 12. Epub ahead of print 27 May 2020. DOI: 10.1126/scitranslmed.aay1548.
227. Gibbs DL, Gralinski L, Baric RS, et al. Multi-omic network signatures of disease. *Front Genet* 2014; 4: 309.
228. Dörr A. Single-cell RNA-seq relates GWAS variants to disease risk. *Nat Biotechnol* 2022; 40: 1574.
229. Zhang MJ, Hou K, Dey KK, et al. Polygenic enrichment distinguishes disease associations of individual cells in single-cell RNA-seq data. *Nat Genet* 2022; 54: 1572–1580.
230. Clyde D. Single cell-cell communication. *Nat Rev Genet* 2023; 24: 488.
231. Browaeys R, Saelens W, Saeys Y. NicheNet: modeling intercellular

communication by linking ligands to target genes. *Nat Methods* 2020; 17: 159–162.

232. Bressan D, Battistoni G, Hannon GJ. The dawn of spatial omics. *Science* 2023; 381: eabq4964.

MATERIAL SUPLEMENTARIO 2

Tabla 1. Variantes genéticas independientes que alcanzaron el nivel de significación a nivel del genoma en el meta-análisis. Se muestran los resultados del meta-análisis y de cada enfermedad independiente.

Cromosoma	Posición	SNP	A1	Gen	Metaanálisis basado en subconjuntos			ANCA-positive EGPA		ANCA-negative EGPA		GCA		IgAV		KD		TAK		AAV		BD		
					p-valor	p-valor con efectos opuestos	OR (95% IC)	Enfermedades participantes	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor
1	67751193	rs11209039	G	IL23R/IL12RB2	6.45E-10		0.81 (0.76 - 0.87)	BD EGPA+ KD	0.82	7.12E-02	1.05	5.20E-01	NA	NA	1.00	9.02E-01	0.90	1.71E-01	1.00	9.50E-01	1.13	1.87E-02	0.79	1.59E-10
2	111894874	rs72836352	T	BCL2L11	4.14E-08		1.83 (1.48-2.27)	EGPA+ EGPA-	1.94	1.67E-04	1.83	4.98E-07	NA	NA	0.92	6.01E-01	0.81	1.06E-01	1.16	1.18E-01	1.22	3.51E-02	1.25	6.47E-01
2	204689376	rs62184865	T	CTLA4	2.00E-08		1.72 (2.08 - 1.43)	AAV EGPA+	0.41	8.31E-06	0.88	3.39E-01	NA	NA	1.16	3.64E-01	1.05	7.71E-01	NA	NA	0.63	2.28E-06	0.97	8.49E-01
3	46208310	rs2067728	G	CCR3	1.04E-08		0.81 (0.75-0.87)	BD IgAV	1.00	9.70E-01	1.05	5.00E-01	1.01	9.05E-01	0.82	5.51E-02	1.17	4.33E-02	0.91	8.88E-02	0.92	1.37E-01	0.79	9.33E-10
4	824988	rs4690319	A	CPLX1	4.72E-09		0.82 (0.77-0.88)	BD TAK	0.94	5.87E-01	1.02	7.73E-01	NA	NA	1.02	8.67E-01	1.04	5.99E-01	0.82	5.98E-05	1.00	9.40E-01	0.83	1.79E-06
5	110401672	rs1837253	T	TSLP	7.53E-09		0.65 (0.56-0.75)	EGPA+ EGPA-	0.67	1.30E-03	0.63	2.58E-08	1.05	2.03E-01	1.00	9.83E-01	1.17	6.07E-02	NA	NA	0.94	3.77E-01	1.08	5.47E-01
5	131540875	rs128738	T	PAHA2	2.78E-09		1.32 (1.20 - 1.44)	EGPA- GCA	1.03	8.49E-01	1.31	6.44E-03	1.32	4.73E-09	1.12	3.99E-01	0.78	2.33E-02	1.00	9.87E-01	0.99	8.27E-01	0.99	7.84E-01
5	131797547	rs8894249	G	IRF1	7.81E-09	3.59E-06 9.55E-05	1.40 (1.21-1.61) 0.85 (0.83 - 0.94)	EGPA+ EGPA- BD KD TAK	1.32	1.43E-02	1.46	6.82E-07	1.14	9.87E-02	1.02	8.27E-01	0.85	3.97E-02	0.85	1.13E-03	1.01	8.39E-01	0.91	1.11E-02
5	158777001	rs7725339	T	IL12B	1.84E-10		1.24 (1.32 - 1.15) 1.32 (1.45 - 1.19)	BD EGPA+ TAK IgAV TAK EGPA-	0.76	1.57E-02	1.00	9.90E-01	NA	NA	1.00	9.98E-01	1.15	1.07E-01	0.75	2.12E-08	1.00	9.74E-01	0.86	2.27E-05
5	158834367	rs60689880	T	IL12B	4.62E-08	1.26E-02 1.75E-07	0.80 (0.95 - 0.69)	IgAV TAK EGPA-	0.97	7.66E-01	1.25	5.42E-03	NA	NA	0.84	6.81E-02	0.93	3.42E-01	0.75	1.41E-08	1.02	6.66E-01	0.98	4.95E-01
6	161143608	rs4252120	C	PLG	2.65E-08		1.28 (1.17 - 1.39)	EGPA- GCA	1.05	6.79E-01	1.12	1.85E-01	1.03	3.90E-10	1.03	7.72E-01	0.99	8.94E-01	0.99	8.50E-01	1.04	4.19E-01	0.57	1.46E-02
8	27219987	rs73223431	T	PTK2B	1.66E-08		0.73 (0.66 - 0.82)	EGPA+ TAK	0.79	3.25E-02	1.01	9.13E-01	0.94	2.63E-01	1.01	9.11E-01	0.98	7.55E-01	0.72	2.12E-09	0.93	1.77E-01	1.01	9.59E-01
10	64396042	rs10995248	T	ZNF365/ADO	2.10E-08	2.39E-05 4.04E-05	1.16 (1.08 - 1.24) 0.84 (0.77 - 0.91)	AAV BD EGPA+ GCA IgAV	0.81	5.62E-02	1.06	4.65E-01	0.83	3.41E-05	0.91	3.61E-01	1.05	5.35E-01	1.04	4.76E-01	1.13	1.47E-02	1.17	8.65E-06
21	40465178	rs2242944	A	CHY21G22	1.30E-10		0.75 (0.68 - 0.82)	EGPA- TAK	1.01	9.40E-01	0.86	4.15E-02	1.03	6.47E-01	NA	NA	1.01	9.01E-01	0.70	2.33E-11	0.95	3.57E-01	1.01	7.48E-01

A1, alelo alternativo utilizado en la regresión logística; BD, enfermedad de Behçet; EGPA, granulomatosis eosinofílica con poliangitis; KD, enfermedad de Kawasaki; AAV, vasculitis asociada a ANCA; IgAV, vasculitis IgA; TAK, arteritis de Takayasu; GCA, arteritis de células gigantes.

Tabla 2. Variantes genéticas independientes que alcanzaron significación a nivel del genoma en el meta-análisis basado en subconjuntos considerando MPO- y PR3-AAV como fenotipos independientes. Se muestran los resultados del meta-análisis basado en

Cromosoma	Posición	SNP	A1	Gen	Meta-análisis basado en subconjuntos			Enfermedades participantes	ANCA-positive EGPA		ANCA-negative EGPA		GCA		IgAV		KD		TAK		MPO-AAV		PR3-AAV		BD	
					p-valor	p-valor con efectos opuestos	OR (95% IC)		OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor	OR	p-valor
1p31.3	67744601	rs6660226	A	<i>IL23R/IL12RB2</i>	6.78E-11	5.61E-03 4.36E-10	1.39 (1.10 - 1.75)	MPO+ AAV BD	0.82	6.63E-02	1.05	5.40E-01	NA	NA	1.00	NA	0.91	2.16E-01	0.99	7.90E-01	1.39	2.81E-04	1.06	3.81E-01	0.79	1.00E-10
1q32.1	206945311	rs3024490	A	<i>IL10</i>	1.49E-08	-	1.24 (1.15 - 1.34)	EGPA+ KD	1.01	9.08E-01	0.97	7.31E-01	1.01	8.30E-01	0.88	8.30E-01	0.92	3.63E-01	1.03	7.76E-01	0.98	8.54E-01	1.13	1.32E-01	1.26	2.81E-10
2q13	111908567	rs144569746	T	<i>BCL2L11</i>	1.11E-08	-	1.68 (1.40 - 2.00)	PR3+ AAV EGPA+ EGPA-	1.94	1.74E-04	1.82	6.00E-07	NA	NA	0.92	NA	0.82	1.39E-01	1.16	1.25E-01	1.06	7.22E-01	1.46	2.43E-03	1.25	6.47E-01
2q33.2	204689376	rs62184865	T	<i>CTLA4</i>	1.08E-07	-	1.73 (1.41 - 2.11)	MPO+ AAV EGPA+ EGPA-	0.41	8.31E-06	0.88	3.39E-01	NA	NA	1.16	NA	1.05	7.71E-01	NA	NA	0.58	1.42E-03	0.64	5.74E-04	0.97	8.49E-01
3p21.31	46208310	rs2087726	G	<i>CCR3</i>	4.94E-09	-	0.82 (0.77 - 0.88)	PR3+ AAV BD IgAV	1.00	9.70E-01	1.05	5.00E-01	1.01	9.05E-01	0.82	9.05E-01	1.17	4.33E-02	0.91	8.88E-02	1.03	7.74E-01	0.89	1.03E-01	0.79	9.33E-10
4q16.2	824988	rs4690319	A	<i>CPLX1</i>	1.36E-08	-	0.82 (0.77 - 0.88)	BD TAK	0.94	5.87E-01	1.02	7.73E-01	NA	NA	1.02	NA	1.04	5.99E-01	0.82	5.98E-05	1.09	4.02E-01	0.96	6.46E-01	0.83	1.79E-06
5q22.1	110401872	rs1837253	T	<i>TSLP</i>	2.46E-08	-	0.65 (0.56 - 0.75)	EGPA+ EGPA-	0.67	1.30E-03	0.63	2.58E-08	1.05	2.03E-01	1.00	2.03E-01	1.17	6.07E-02	NA	NA	0.96	6.98E-01	0.96	6.66E-01	1.08	5.47E-01
5q31.1	131540875	rs128738	T	<i>P4HA2</i>	7.81E-09	-	1.32 (1.20 - 1.44)	EGPA- GCA	1.03	8.49E-01	1.21	6.44E-03	1.22	4.73E-09	1.12	4.73E-09	0.78	2.23E-02	1.00	9.87E-01	0.94	5.74E-01	1.04	6.45E-01	0.99	7.84E-01
5q31.1	131797547	rs6894249	G	<i>IRF1</i>	1.83E-08	3.63E-06 2.30E-04	1.40 (1.21 - 1.61)	EGPA+ EGPA- BD KD TAK	1.32	1.43E-02	1.46	6.62E-07	1.14	9.87E-02	1.02	9.87E-02	0.85	3.97E-02	0.85	1.13E-03	0.98	8.23E-01	1.02	7.32E-01	0.91	1.11E-02
5q33.3	158787385	rs6556412	A	<i>IL12B</i>	1.57E-10	-	1.23 (1.15 - 1.31)	BD EGPA+ TAK	1.30	2.23E-02	1.00	9.69E-01	NA	NA	1.00	NA	0.87	9.81E-02	1.34	2.56E-08	1.08	4.42E-01	0.94	3.65E-01	1.17	1.61E-05
6q23.3	137514790	rs4896243	C	<i>IFNGR1</i>	1.59E-08	-	1.23 (1.15 - 1.32)	MPO+ AAV BD	0.95	6.03E-01	0.89	1.18E-01	NA	NA	NA	NA	1.03	7.38E-01	NA	NA	1.12	2.49E-01	0.97	6.93E-01	1.25	2.42E-09
8p21.2	27219987	rs73223431	T	<i>PTK2B</i>	3.23E-08	-	0.76 (0.69 - 0.84)	MPO+ AAV EGPA+ TAK	0.79	3.25E-02	1.01	9.13E-01	0.94	2.63E-01	1.01	2.63E-01	0.98	7.55E-01	0.72	2.12E-09	0.87	1.18E-01	0.93	2.88E-01	1.01	9.59E-01
10q21.2	84396042	rs10995248	T	<i>ZNF365/ADQ</i>	3.28E-08	3.81E-05 4.04E-05	1.18 (1.08 - 1.24)	PR3+ AAV BD EGPA+ GCA IgAV	0.81	5.62E-02	1.06	4.65E-01	0.83	3.41E-05	0.91	3.41E-05	1.05	5.35E-01	1.04	4.76E-01	1.13	1.86E-01	1.17	2.18E-02	1.17	8.65E-06
21q22.2	40465178	rs2242944	A	<i>CH21q22</i>	4.17E-10	-	0.75 (0.68 - 0.82)	EGPA- TAK	1.01	9.40E-01	0.86	4.15E-02	1.03	6.47E-01	NA	6.47E-01	1.01	9.01E-01	0.70	2.33E-11	0.94	5.32E-01	1.00	9.69E-01	1.01	7.48E-01

A1, alelo alternativo utilizado en la regresión logística; BD, enfermedad de Behçet; EGPA, granulomatosis eosinofílica con poliangiitis; KD, enfermedad de Kawasaki; AAV, MPO+, vasculitis asociada a ANCA MPO positivo; AAV, PR3+, vasculitis asociada a ANCA PR3 positivo; IgAV, vasculitis IgA; TAK, arteritis. Las enfermedades incluidas en el mejor subconjunto y para las cuales no se han informado previamente asociaciones identificadas se muestran en neg.

Tabla 3. Rol potencial de los polimorfismos líderes y sus proxies ($r^2 \geq 0.6$) como loci cuantitativos de expresión (eQTLs) en sangre completa, líneas

Región genómica asociada	Lead SNP	SNP	Alelo evaluado	Gen	Estadística	FDR	Base de datos	Tejido/Tipo celular	
		1:67742121:C:T	T	<i>IL23R</i>	8,755	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67742685:A:C	C	<i>IL23R</i>	-4,285	4,982,636	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67744601:A:G	A	<i>IL23R</i>	-6,286	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67747865:A:G	G	<i>IL23R</i>	-6,128	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67748140:A:C	A	<i>IL23R</i>	8,813	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67749068:C:T	T	<i>IL23R</i>	-6,155	1,32E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67751193:A:G	G	<i>IL23R</i>	-6,190	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67753353:C:T	T	<i>IL23R</i>	8,893	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67753508:C:T	C	<i>IL23R</i>	8,890	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67754527:G:T	G	<i>IL23R</i>	8,781	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67760140:C:T	C	<i>IL23R</i>	-6,040	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67761365:C:G	G	<i>IL23R</i>	8,279	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67742121:C:T	T	<i>MIER1</i>	6,458	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67742685:A:C	C	<i>MIER1</i>	-8,736	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67744601:A:G	A	<i>MIER1</i>	-5,522	13,976	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67747865:A:G	G	<i>MIER1</i>	-5,489	15,856	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67748140:A:C	A	<i>MIER1</i>	6,333	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67749068:C:T	T	<i>MIER1</i>	-5,475	1,648	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67751193:A:G	G	<i>MIER1</i>	-5,326	34,552	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67753353:C:T	T	<i>MIER1</i>	6,223	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67753508:C:T	C	<i>MIER1</i>	6,195	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67754527:G:T	G	<i>MIER1</i>	6,304	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67760140:C:T	C	<i>MIER1</i>	-5,014	172,648	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67761365:C:G	G	<i>MIER1</i>	6,203	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:67761365:C:G	C	<i>MIER1</i>	-77	1,82E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
		1:67766686:T:TA	T	<i>MIER1</i>	-79	1,82E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
1p31.3	rs11209039	1:67742685:A:C	C	<i>SLC35D1</i>	-4,552	1,526,736	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944233:A:G	A	<i>IL10</i>	-156,704	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		1:206944645:C:T	T	<i>IL10</i>	-172,272	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		1:206944861:A:C	A	<i>IL10</i>	-172,272	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		1:206945311:A:C	A	<i>IL10</i>	-165,394	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		1:206946407:G:T	T	<i>IL10</i>	-165,478	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		1:206946634:A:G	A	<i>IL10</i>	-165,309	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		1:206944233:A:G	A	<i>IL10</i>	-192,233	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944233:A:G	A	<i>IL24</i>	-55,933	10,845	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944233:A:G	A	<i>FAIM3</i>	-49,849	198,178	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944645:C:T	T	<i>IL10</i>	-210,168	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944645:C:T	T	<i>IL24</i>	-52,852	42,004	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944645:C:T	T	<i>FAIM3</i>	-45,092	1,853,714	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944861:A:C	A	<i>IL10</i>	-208,578	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944861:A:C	A	<i>IL24</i>	-5,548	12,724	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944861:A:C	A	<i>FAIM3</i>	-46,427	990,338	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206945311:A:C	A	<i>IL10</i>	-201,593	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206945311:A:C	A	<i>IL24</i>	-50,848	115,149	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206945311:A:C	A	<i>FAIM3</i>	-49,487	237,101	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206946407:G:T	T	<i>IL10</i>	-20,165	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206946407:G:T	T	<i>IL24</i>	-5,006	179,331	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206946407:G:T	T	<i>FAIM3</i>	-49,105	286,905	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206946634:A:G	A	<i>IL10</i>	-202,255	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206946634:A:G	A	<i>IL24</i>	-48,528	368,923	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

		1:206946634:A:G	A	<i>FAIM3</i>	-49,234	268,695	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		1:206944233:A:G	A	<i>IL19</i>	271,025	66,285	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206944645:C:T	T	<i>IL19</i>	286,646	43,378	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206944861:A:C	A	<i>IL19</i>	28,108	91,566	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206945311:A:C	A	<i>IL19</i>	27,473	9,677	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206946407:G:T	T	<i>IL19</i>	27,473	9,677	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206946634:A:G	A	<i>IL19</i>	27,473	9,677	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206944233:A:G	A	<i>IL10</i>	32,177	1.20E-02	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		1:206944645:C:T	T	<i>IL10</i>	329,583	2.76E-04	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		1:206944861:A:C	A	<i>IL10</i>	318,185	8.95E-04	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		1:206945311:A:C	A	<i>IL10</i>	299,767	1.55E-03	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		1:206946407:G:T	T	<i>IL10</i>	300,891	1.01E-03	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		1:206946634:A:G	A	<i>IL10</i>	299,767	1.55E-03	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		1:206944645:C:T	C	<i>IL10</i>	73,120,102	49	DICE	Monocyte_classical	Monocytes
		1:206944861:A:C	C	<i>IL10</i>	73,120,102	49	DICE	Monocyte_classical	Monocytes
		1:206945311:A:C	C	<i>IL10</i>	73,190,658	49	DICE	Monocyte_classical	Monocytes
		1:206946407:G:T	G	<i>IL10</i>	73,061,231	49	DICE	Monocyte_classical	Monocytes
		1:206946634:A:G	G	<i>IL10</i>	73,061,231	49	DICE	Monocyte_classical	Monocytes
		1:206944233:A:G	A	<i>IL19</i>	161,495	3.38E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206944645:C:T	T	<i>IL19</i>	141,591	5.89E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206944861:A:C	A	<i>IL19</i>	141,961	4.99E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206945311:A:C	A	<i>IL19</i>	137,522	7.61E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206946407:G:T	T	<i>IL19</i>	135,645	2.34E-04	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206946634:A:G	A	<i>IL19</i>	135,645	2.34E-04	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		1:206944233:A:G	G	<i>IL10</i>	244,798	1.26E-01	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
		1:206944645:C:T	C	<i>IL10</i>	252,102	1.26E-01	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
		1:206944861:A:C	C	<i>IL10</i>	252,102	1.26E-01	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
		1:206945311:A:C	C	<i>IL10</i>	247,024	1.26E-01	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
		1:206946407:G:T	G	<i>IL10</i>	247,648	1.26E-01	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
1q32.1	rs3024490	1:206946634:A:G	G	<i>IL10</i>	247,648	1.26E-01	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
		2:11861838:A:G	A	<i>AC096670.3</i>	3,960	416,835	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:11868691:A:T	A	<i>AC096670.3</i>	3,963	4,121,188	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:11874699:G:T	T	<i>AC096670.3</i>	3,963	4,132,765	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:11876539:C:T	C	<i>AC096670.3</i>	3,949	4,319,436	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:11876613:C:G	C	<i>AC096670.3</i>	4,216	1,545,277	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:11861838:A:G	A	<i>AC108463.2</i>	-4,696	761,172	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11868691:A:T	A	<i>AC108463.2</i>	-4,922	271,099	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11874699:G:T	T	<i>AC108463.2</i>	-4,945	240,653	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11876539:C:T	C	<i>AC108463.2</i>	-4,961	220,077	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11876613:C:G	C	<i>AC108463.2</i>	-4,740	621,318	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11887754:G:T	G	<i>AC108463.2</i>	-4,896	306,185	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11888043:A:G	A	<i>AC108463.2</i>	-4,928	26,445	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11891795:C:T	C	<i>AC108463.2</i>	-4,972	204,835	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11894874:C:T	T	<i>AC108463.2</i>	-5,005	179,936	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11900560:C:T	C	<i>AC108463.2</i>	-5,027	16,354	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11908567:C:T	T	<i>AC108463.2</i>	-5,020	167,129	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11913056:C:T	C	<i>AC108463.2</i>	-4,707	733,333	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11916868:A:C	C	<i>AC108463.2</i>	-5,044	148,221	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:11933001:G:T	T	<i>AC108463.2</i>	-5,426	24,007	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

2:111940612:C:T	C	AC108463.2	-5,560	1,146	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111964721:A:G	A	AC108463.2	-5,262	46,945	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111979004:A:G	G	AC108463.2	-5,051	139,627	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111989372:G:T	G	AC108463.2	-5,097	109,638	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111989372:G:T	G	AC108463.2	-271	5,88E-07	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
2:111989858:C:T	C	AC108463.2	-5,035	155,556	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111991881:A:G	G	AC108463.2	-5,095	112,707	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:112010094:A:G	G	AC108463.2	-4,942	246,762	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:112020816:C:G	G	AC108463.2	-4,358	3,670,181	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:112023842:C:T	T	AC108463.2	-4,969	207,872	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111900560:C:T	C	BCL11A	4,477	4,637,533	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
2:111861838:A:G	G	BCL2L11	96	3,52E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111861838:A:G	A	BCL2L11	12,670	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111861838:A:G	A	BCL2L11	7,031	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111863994:C:CT	CT	BCL2L11	98	2,38E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111868601:T: TTGAG	TTGAG	BCL2L11	97	2,93E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111868691:A:T	A	BCL2L11	12,649	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111868691:A:T	A	BCL2L11	7,138	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111874699:G:T	G	BCL2L11	103	2,02E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111874699:G:T	T	BCL2L11	12,852	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111874699:G:T	T	BCL2L11	7,138	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111876539:C:T	T	BCL2L11	102	3,89E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111876539:C:T	C	BCL2L11	12,853	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111876539:C:T	C	BCL2L11	7,138	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111876613:C:G	G	BCL2L11	113	1,55E-07	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111876613:C:G	C	BCL2L11	12,440	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111876613:C:G	C	BCL2L11	6,307	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111887754:G:T	T	BCL2L11	99	1,57E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111887754:G:T	G	BCL2L11	12,930	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111887754:G:T	G	BCL2L11	7,214	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111888043:A:G	G	BCL2L11	102	2,49E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111888043:A:G	A	BCL2L11	12,894	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111888043:A:G	A	BCL2L11	7,214	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111891795:C:T	C	BCL2L11	12,886	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111891795:C:T	C	BCL2L11	7,229	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111894874:C:T	C	BCL2L11	102	2,49E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111894874:C:T	T	BCL2L11	12,909	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111894874:C:T	T	BCL2L11	7,251	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111900560:C:T	T	BCL2L11	100	6,21E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111900560:C:T	C	BCL2L11	12,916	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111900560:C:T	C	BCL2L11	7,229	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111908567:C:T	C	BCL2L11	102	2,49E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111908567:C:T	T	BCL2L11	12,825	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111908567:C:T	T	BCL2L11	7,153	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111913056:C:T	T	BCL2L11	98	5,92E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111913056:C:T	C	BCL2L11	12,488	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111913056:C:T	C	BCL2L11	6,794	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111916868:A:C	A	BCL2L11	104	9,62E-07	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111916868:A:C	C	BCL2L11	12,745	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2:111916868:A:C	C	BCL2L11	7,120	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
2:111923086:G:GT	G	BCL2L11	104	1,51E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111933001:G:T	G	BCL2L11	104	1,21E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
2:111933001:G:T	T	BCL2L11	12,717	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

		2:111933001:G:T	T	<i>BCL2L11</i>	6,719	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111940612:C:T	T	<i>BCL2L11</i>	105	4,68E-07	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:111940612:C:T	C	<i>BCL2L11</i>	11,470	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:111940612:C:T	C	<i>BCL2L11</i>	6,251	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111964721:A:G	G	<i>BCL2L11</i>	96	14,417	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:111964721:A:G	A	<i>BCL2L11</i>	10,719	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:111964721:A:G	A	<i>BCL2L11</i>	5,244	8,82E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111974046:A:C	A	<i>BCL2L11</i>	5,334	8,37E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111979004:A:G	A	<i>BCL2L11</i>	96	16,526	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:111979004:A:G	G	<i>BCL2L11</i>	10,752	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:111979004:A:G	G	<i>BCL2L11</i>	5,342	8,38E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111989372:G:T	T	<i>BCL2L11</i>	97	10,889	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:111989372:G:T	G	<i>BCL2L11</i>	10,805	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:111989372:G:T	G	<i>BCL2L11</i>	5,305	8,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111989858:C:T	T	<i>BCL2L11</i>	95	25,957	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:111989858:C:T	C	<i>BCL2L11</i>	10,752	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:111989858:C:T	C	<i>BCL2L11</i>	5,348	7,27E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111991881:A:G	A	<i>BCL2L11</i>	95	20,378	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:111991881:A:G	G	<i>BCL2L11</i>	10,805	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:111991881:A:G	G	<i>BCL2L11</i>	5,334	8,37E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:112010094:A:G	A	<i>BCL2L11</i>	95	32,656	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:112010094:A:G	G	<i>BCL2L11</i>	9,948	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:112010094:A:G	G	<i>BCL2L11</i>	5,436	4,53E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:112020816:C:G	G	<i>BCL2L11</i>	8,935	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:112020816:C:G	G	<i>BCL2L11</i>	5,472	4,55E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:112023842:C:T	C	<i>BCL2L11</i>	93	56,347	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:112023842:C:T	T	<i>BCL2L11</i>	9,416	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:112023842:C:T	T	<i>BCL2L11</i>	5,479	4,55E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:112024305:C:T	C	<i>BCL2L11</i>	93	56,347	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		2:112024305:C:T	T	<i>BCL2L11</i>	7,207	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:112024305:C:T	T	<i>BCL2L11</i>	5,450	4,54E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:111989372:G:T	G	<i>C3AR1</i>	4,480	4,565,945	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>CPVL</i>	5,590	30,248	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111989372:G:T	G	<i>CPVL</i>	5,250	160,514	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>CSF1R</i>	4,660	2,264,954	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>FAM46A</i>	4,632	2,541,562	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>LARGE</i>	4,743	1,611,399	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>MS4A14</i>	4,813	1,164,296	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>MS4A7</i>	5,096	320,891	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>MTSS1</i>	5,802	13,482	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111989372:G:T	G	<i>MTSS1</i>	4,794	1,273,462	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>PEA15</i>	4,790	1,295,318	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:111900560:C:T	C	<i>TNFRSF8</i>	4,984	545,831	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
2q13	rs72836352	2:111989372:G:T	G	<i>TNFRSF8</i>	4,869	896,361	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		2:204689376:G:T	T	<i>CTLA4</i>	-11,036	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204689376:G:T	T	<i>KRT18P39</i>	5,036	153,704	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204689376:G:T	T	<i>CTLA4</i>	-4,255	1,341,664	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		2:204692462:A:G	G	<i>CTLA4</i>	-10,650	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204693302:G:T	G	<i>CTLA4</i>	-10,406	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204693394:A:C	C	<i>CTLA4</i>	-10,544	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204693721:A:T	T	<i>CTLA4</i>	-10,633	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204696585:C:T	C	<i>CTLA4</i>	-10,706	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204702343:C:T	C	<i>CTLA4</i>	-10,464	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204705596:G:T	T	<i>CTLA4</i>	-10,543	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

		2:204709584:C:T	T	<i>CTLA4</i>	-10,586	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204709936:A:G	A	<i>CTLA4</i>	-10,537	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204711588:C:T	T	<i>CTLA4</i>	-10,546	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204712127:A:C	A	<i>CTLA4</i>	-10,453	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204712398:C:T	T	<i>CTLA4</i>	-10,489	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204712807:G:T	G	<i>CTLA4</i>	-10,555	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204713735:C:G	G	<i>CTLA4</i>	-10,542	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		2:204714810:C:T	T	<i>CTLA4</i>	-10,549	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
2q33.2	rs62184865	2:204716370:A:G	G	<i>CTLA4</i>	-10,538	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		3:46205686:C:T	C	<i>ABCB1</i>	-6,522	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		3:46205686:C:T	C	<i>AC007292.1</i>	-4,471	4,741,117	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		3:46205686:C:T	C	<i>AGAP1</i>	-5,740	16,348	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		3:46205686:C:T	C	<i>AUTS2</i>	-5,106	30,157	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		3:46205686:C:T	C	<i>CAMTA1</i>	-6,179	2,05E-05	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-299	3,31E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-349	7,13E-09	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-168	2,54E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-351	12,765	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-235	3,23E-19	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-425	768,995	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-120	3,72E-11	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IAV	Monocytes_IAV
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-157	2,84E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-116	1,56E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-213	3,54E-09	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-164	2,02E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_R848	Monocytes_R848
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-258	1,14E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	-185	5,71E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		3:46187707:A:G	A	<i>CCR1</i>	-641	49	DICE	T_CD4_memory_TREG	T_CD4_memory_TREG
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	62,915	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		3:46187707:A:G	G	<i>CCR1</i>	22,780	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		3:46187707:A:G	A	<i>CCR1</i>	-350	5,39E-49	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-299	3,02E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-108	421,654	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-300	108,986	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-191	2,22E-12	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-107	3,30E-08	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IAV	Monocytes_IAV
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-149	2,04E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-96	129,386	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-194	3,23E-07	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-158	1,61E-09	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_R848	Monocytes_R848
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-187	448,167	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	-141	366,944	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	46,110	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		3:46194638:C:T	C	<i>CCR1</i>	16,803	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		3:46194638:C:T	T	<i>CCR1</i>	-266	5,39E-49	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
		3:46200823:A:C	A	<i>CCR1</i>	-212	434,725	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
		3:46200823:A:C	A	<i>CCR1</i>	-277	1,479	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15

3:46200823:A:C	A	CCR1	-107	274,128	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
3:46200823:A:C	A	CCR1	-183	1,73E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR1	-109	5,47E-09	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_IAV	Monocytes_IAV
3:46200823:A:C	A	CCR1	-148	1,73E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
3:46200823:A:C	A	CCR1	-96	80,232	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
3:46200823:A:C	A	CCR1	-210	2,10E-09	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
3:46200823:A:C	A	CCR1	-159	4,20E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
3:46200823:A:C	A	CCR1	44,244	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR1	16,074	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46200823:A:C	C	CCR1	-250	5,39E-49	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR1	-308	8,84E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46205686:C:T	C	CCR1	-348	1,81E-09	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46205686:C:T	C	CCR1	-157	6,90E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
3:46205686:C:T	C	CCR1	-339	41,957	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46205686:C:T	C	CCR1	-233	8,66E-19	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR1	-408	112,197	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil CD16	Neutrophils_CD16
3:46205686:C:T	C	CCR1	-120	2,64E-11	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_IAV	Monocytes_IAV
3:46205686:C:T	C	CCR1	-159	1,47E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
3:46205686:C:T	C	CCR1	-115	1,44E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
3:46205686:C:T	C	CCR1	-213	3,02E-09	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
3:46205686:C:T	C	CCR1	-164	1,61E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
3:46205686:C:T	C	CCR1	-258	1,14E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR1	-185	5,71E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46205686:C:T	C	CCR1	64,131	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR1	23,001	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	T	CCR1	-365	5,39E-49	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR1	-308	8,84E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46208310:A:G	G	CCR1	-348	1,80E-09	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46208310:A:G	G	CCR1	-158	5,96E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
3:46208310:A:G	G	CCR1	-339	4,179	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46208310:A:G	G	CCR1	-236	4,16E-19	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR1	-410	104,869	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil CD16	Neutrophils_CD16
3:46208310:A:G	G	CCR1	-120	2,64E-11	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_IAV	Monocytes_IAV
3:46208310:A:G	G	CCR1	-159	1,47E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
3:46208310:A:G	G	CCR1	-115	1,44E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
3:46208310:A:G	G	CCR1	-213	3,02E-09	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
3:46208310:A:G	G	CCR1	-164	1,61E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
3:46208310:A:G	G	CCR1	-258	1,14E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR1	-185	5,71E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46208310:A:G	G	CCR1	64,177	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR1	22,975	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46208310:A:G	A	CCR1	-365	5,39E-49	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR1	-307	9,84E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46214670:C:T	T	CCR1	-348	1,81E-09	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46214670:C:T	T	CCR1	-158	4,70E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2

3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-339	41,745	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-232	2,59E-18	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-411	9,653	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-120	2,75E-11	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IAV	Monocytes_IAV
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-159	1,48E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-115	1,67E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-213	2,85E-09	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-164	1,77E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_R848	Monocytes_R848
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-258	1,14E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	-185	5,71E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	64,146	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>CCR1</i>	22,971	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214670:C:T	C	<i>CCR1</i>	-365	5,39E-49	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-405	6,64E-15	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-505	4,86E-21	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-148	44,452	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-273	1,51E-24	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-483	31,109	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-104	47,427	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IAV	Monocytes_IAV
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-106	185,872	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-125	23,703	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_R848	Monocytes_R848
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	-290	5,46E-10	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	65,147	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>CCR1</i>	26,005	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214685:A:C	A	<i>CCR1</i>	-367	5,39E-49	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-423	2,65E-11	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-156	2,03E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-328	44,935	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-478	57,154	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-158	5,28E-18	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IAV	Monocytes_IAV
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-188	4,76E-08	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-159	5,97E-12	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-244	7,38E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
3:46249139:A:AT	AT	<i>CCR1</i>	-182	4,65E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_R848	Monocytes_R848
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-364	1,74E-09	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-161	2,06E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-330	89,561	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-252	9,98E-23	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-435	168,044	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-157	2,08E-21	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IAV	Monocytes_IAV
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-197	1,40E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-159	2,80E-14	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-248	1,95E-12	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4

3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>CCR1</i>	-186	6,87E-13	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_R848	Monocytes_R848
3:46249943:G:GTTC	G	<i>CCR1</i>	-391	5,39E-49	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-328	3,06E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-354	6,22E-09	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-161	2,17E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-332	106,245	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-253	2,83E-23	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-424	326,582	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-141	2,27E-16	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IJAV	Monocytes_IJAV
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-181	1,13E-08	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_LPS	Monocytes_LPS
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-144	2,45E-11	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	naive
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-227	3,84E-10	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-175	2,50E-11	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_R848	Monocytes_R848
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-282	1,69E-10	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	-188	4,09E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	68,160	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>CCR1</i>	25,096	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46258902:C:T	C	<i>CCR1</i>	-393	5,39E-49	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>CCR2</i>	121	58,945	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46187707:A:G	G	<i>CCR2</i>	197	43,106	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46187707:A:G	G	<i>CCR2</i>	194	164,223	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46187707:A:G	G	<i>CCR2</i>	119	825,635	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46187707:A:G	G	<i>CCR2</i>	-23,844	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>CCR2</i>	-9,714	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>CCR2</i>	130	175,539	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46194638:C:T	C	<i>CCR2</i>	164	393,545	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46194638:C:T	C	<i>CCR2</i>	197	266,332	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46194638:C:T	C	<i>CCR2</i>	-21,586	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>CCR2</i>	-9,011	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46194638:C:T	T	<i>CCR2</i>	65	3,72E-06	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>CCR2</i>	121	535,185	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46200823:A:C	A	<i>CCR2</i>	172	60,148	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46200823:A:C	A	<i>CCR2</i>	206	27,517	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46200823:A:C	A	<i>CCR2</i>	-20,958	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>CCR2</i>	-8,990	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46200823:A:C	C	<i>CCR2</i>	74	3,72E-06	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	117	718,185	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	165	426,448	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	191	31,029	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	203	145,026	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	108	324,385	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	90	413,241	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	-23,973	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>CCR2</i>	-9,992	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	T	<i>CCR2</i>	65	3,72E-06	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46208310:A:G	G	<i>CCR2</i>	117	718,035	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46208310:A:G	G	<i>CCR2</i>	165	423,759	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46208310:A:G	G	<i>CCR2</i>	191	31,026	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46208310:A:G	G	<i>CCR2</i>	203	142,446	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46208310:A:G	G	<i>CCR2</i>	108	319,547	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive

3:46208310:A:G	G	CCR2	90	413,046	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46208310:A:G	G	CCR2	-23,992	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR2	-10,000	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46208310:A:G	A	CCR2	65	3,72E-06	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR2	117	713,745	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46214670:C:T	T	CCR2	165	42,312	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46214670:C:T	T	CCR2	191	315,498	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46214670:C:T	T	CCR2	203	140,367	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46214670:C:T	T	CCR2	108	314,213	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46214670:C:T	T	CCR2	90	414,363	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46214670:C:T	T	CCR2	-23,854	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR2	-9,969	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214670:C:T	C	CCR2	65	3,72E-06	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214685:A:C	C	CCR2	-16,394	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214685:A:C	C	CCR2	-7,522	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46249139:A:AT	AT	CCR2	130	125,585	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46249139:A:AT	AT	CCR2	195	683,395	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46249139:A:AT	AT	CCR2	218	221,476	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46249139:A:AT	AT	CCR2	117	360,678	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46249139:A:AT	AT	CCR2	105	92,681	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	118	151,416	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	184	373,728	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	207	523,415	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	218	18,178	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	221	393,754	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	129	34,708	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	111	22,173	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	92	344,779	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	79	453,273	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR2	76	461,781	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46249943:G:GTTC	G	CCR2	74	3,72E-06	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46258902:C:T	T	CCR2	116	171,301	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
3:46258902:C:T	T	CCR2	187	267,552	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46258902:C:T	T	CCR2	210	407,726	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
3:46258902:C:T	T	CCR2	220	14,342	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46258902:C:T	T	CCR2	224	343,886	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46258902:C:T	T	CCR2	131	23,401	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46258902:C:T	T	CCR2	113	14,616	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46258902:C:T	T	CCR2	94	191,625	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46258902:C:T	T	CCR2	79	481,631	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
3:46258902:C:T	T	CCR2	-25,932	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	CCR2	-10,843	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46258902:C:T	C	CCR2	71	3,72E-06	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46187707:A:G	G	CCR3	923	6,54E-15	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46187707:A:G	G	CCR3	576	8,47E-15	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46187707:A:G	G	CCR3	189	7,24E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46187707:A:G	G	CCR3	460	2,22E-22	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46187707:A:G	G	CCR3	841	3,52E-06	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46187707:A:G	G	CCR3	466	4,66E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood

3:46187707:A:G	G	CCR3	-67,390	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	CCR3	-29,604	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46187707:A:G	A	CCR3	379	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46194638:C:T	C	CCR3	417	1,30E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46194638:C:T	C	CCR3	157	4,84E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46194638:C:T	C	CCR3	250	6,16E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46194638:C:T	C	CCR3	333	7,97E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46194638:C:T	C	CCR3	-39,435	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	CCR3	-16,892	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46194638:C:T	T	CCR3	262	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR3	376	16,953	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46200823:A:C	A	CCR3	154	3,10E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46200823:A:C	A	CCR3	258	4,84E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR3	150	484,587	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46200823:A:C	A	CCR3	306	160,692	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR3	-36,352	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR3	-15,026	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46200823:A:C	C	CCR3	235	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR3	908	3,02E-14	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46205686:C:T	C	CCR3	565	4,22E-15	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46205686:C:T	C	CCR3	187	5,41E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46205686:C:T	C	CCR3	476	2,28E-24	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR3	824	2,61E-06	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46205686:C:T	C	CCR3	466	4,66E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR3	-67,971	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR3	-29,539	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	T	CCR3	391	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR3	908	3,02E-14	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46208310:A:G	G	CCR3	565	4,19E-15	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46208310:A:G	G	CCR3	187	5,27E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46208310:A:G	G	CCR3	481	8,91E-25	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR3	827	2,21E-06	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46208310:A:G	G	CCR3	466	4,66E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR3	-67,990	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR3	-29,564	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46208310:A:G	A	CCR3	391	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR3	906	3,43E-14	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46214670:C:T	T	CCR3	565	4,20E-15	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46214670:C:T	T	CCR3	187	5,29E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46214670:C:T	T	CCR3	485	3,83E-25	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR3	831	1,77E-06	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46214670:C:T	T	CCR3	466	4,66E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR3	-67,892	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR3	-29,559	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214670:C:T	C	CCR3	391	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214685:A:C	C	CCR3	592	47,303	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46214685:A:C	C	CCR3	169	1,29E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46214685:A:C	C	CCR3	349	6,11E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46214685:A:C	C	CCR3	774	3,109	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46214685:A:C	C	CCR3	375	1,04E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood

3:46214685:A:C	C	CCR3	-53,495	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214685:A:C	C	CCR3	-23,418	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214685:A:C	A	CCR3	351	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46249139:A:AT	AT	CCR3	628	3,52E-14	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46249139:A:AT	AT	CCR3	194	1,41E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46249139:A:AT	AT	CCR3	900	5,13E-07	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR3	696	2,38E-23	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR3	187	8,31E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR3	532	4,30E-32	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR3	913	5,47E-09	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Monocytes_CD16
3:46249943:G:GTTC	G	CCR3	425	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46258902:C:T	T	CCR3	986	3,06E-18	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46258902:C:T	T	CCR3	694	1,60E-23	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
3:46258902:C:T	T	CCR3	187	9,04E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
3:46258902:C:T	T	CCR3	536	2,91E-33	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46258902:C:T	T	CCR3	913	3,81E-09	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
3:46258902:C:T	T	CCR3	160	319,415	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IJAV	Monocytes_IJAV
3:46258902:C:T	T	CCR3	482	1,70E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
3:46258902:C:T	T	CCR3	-73,513	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	CCR3	-31,897	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46258902:C:T	C	CCR3	425	1,56E-30	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46187707:A:G	G	CCR5	199	286,821	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46194638:C:T	C	CCR5	226	58,123	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg_Salmonella	Macrophage_IFNg_Salmonella
3:46194638:C:T	C	CCR5	8,455	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	CCR5	4,732	172,467	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR5	215	223,825	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg_Salmonella	Macrophage_IFNg_Salmonella
3:46200823:A:C	A	CCR5	9,422	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	CCR5	5,039	3,372	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR5	199	286,853	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46208310:A:G	G	CCR5	199	286,853	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46214670:C:T	T	CCR5	199	283,613	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46214685:A:C	C	CCR5	5,568	11,467	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46249139:A:AT	AT	CCR5	256	282,807	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg_Salmonella	Macrophage_IFNg_Salmonella
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR5	235	239,375	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg_Salmonella	Macrophage_IFNg_Salmonella
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR5	340	211,391	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNg
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCR5	509	370,386	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46258902:C:T	T	CCR5	237	215,163	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg_Salmonella	Macrophage_IFNg_Salmonella
3:46258902:C:T	T	CCR5	343	203,551	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNg
3:46258902:C:T	T	CCR5	512	37,707	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46187707:A:G	G	CCR9	5,303	38,901	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	CCR9	5,175	74,748	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	CCR9	5,110	106,014	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	CCR9	5,128	96,202	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	CCR9	6,238	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	CCRL2	370	7,06E-09	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils

3:46187707:A:G	G	CCRL2	102	4,36E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46187707:A:G	G	CCRL2	-14,586	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	A	CCRL2	116	154,891	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46194638:C:T	C	CCRL2	94	21,388	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46194638:C:T	C	CCRL2	-14,691	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	CCRL2	212	422,377	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46200823:A:C	A	CCRL2	112	1,08E-06	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46200823:A:C	A	CCRL2	-14,719	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	CCRL2	-12,389	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	C	CCRL2	363	2,16E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46205686:C:T	C	CCRL2	103	4,03E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CCRL2	-14,586	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	CCRL2	-12,366	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	T	CCRL2	121	154,891	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCRL2	363	2,16E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46208310:A:G	G	CCRL2	102	5,50E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46208310:A:G	G	CCRL2	-14,551	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	CCRL2	-12,392	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46208310:A:G	A	CCRL2	121	154,891	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214670:C:T	T	CCRL2	363	2,12E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46214670:C:T	T	CCRL2	105	2,10E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46214670:C:T	T	CCRL2	-14,661	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	CCRL2	-12,383	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214670:C:T	C	CCRL2	121	154,891	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214685:A:C	C	CCRL2	261	61,523	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46214685:A:C	C	CCRL2	-11,487	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214685:A:C	C	CCRL2	-10,587	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46249943:G:GTTC	GTTC	CCRL2	91	204,529	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46249943:G:GTTC	G	CCRL2	123	154,891	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46258902:C:T	T	CCRL2	401	2,75E-11	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46258902:C:T	T	CCRL2	90	199,588	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
3:46258902:C:T	T	CCRL2	-15,426	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	CCRL2	-12,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46258902:C:T	C	CCRL2	129	154,891	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46205686:C:T	C	CFH	-4,661	2,249,277	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	COLQ	-4,556	3,404,973	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	CXCR6	-19,918	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	CXCR6	-7,771	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46194638:C:T	C	CXCR6	-20,618	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	CXCR6	-8,631	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46200823:A:C	A	CXCR6	-20,857	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	CXCR6	-8,885	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	C	CXCR6	-19,818	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	CXCR6	-7,672	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46208310:A:G	G	CXCR6	-19,828	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	CXCR6	-7,664	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214670:C:T	T	CXCR6	-19,720	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	CXCR6	-7,684	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214685:A:C	C	CXCR6	-6,668	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	CXCR6	-19,029	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	CYP2E1	-4,853	9,685	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood

3:46205686:C:T	C	<i>CYTH3</i>	-5,540	38,062	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>DPP4</i>	-5,102	305,608	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>ELOVL4</i>	-6,120	3,98E-05	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>FLT1P1</i>	-31,915	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>FLT1P1</i>	-22,649	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46187707:A:G	A	<i>FLT1P1</i>	216	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>FLT1P1</i>	-26,212	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>FLT1P1</i>	-18,796	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46194638:C:T	T	<i>FLT1P1</i>	160	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>FLT1P1</i>	-25,282	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>FLT1P1</i>	-18,095	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46200823:A:C	C	<i>FLT1P1</i>	180	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>FLT1P1</i>	-31,873	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>FLT1P1</i>	-22,726	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	T	<i>FLT1P1</i>	216	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46208310:A:G	G	<i>FLT1P1</i>	-31,831	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	<i>FLT1P1</i>	-22,726	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46208310:A:G	A	<i>FLT1P1</i>	216	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>FLT1P1</i>	-31,800	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>FLT1P1</i>	-22,717	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214670:C:T	C	<i>FLT1P1</i>	216	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>FLT1P1</i>	-20,906	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>FLT1P1</i>	-14,225	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214685:A:C	A	<i>FLT1P1</i>	145	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46249943:G:GTTC	G	<i>FLT1P1</i>	210	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>FLT1P1</i>	-32,568	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>FLT1P1</i>	-22,541	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46258902:C:T	C	<i>FLT1P1</i>	208	1,01E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46187707:A:G	A	<i>FYCO1</i>	-97	2,25E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
3:46200823:A:C	A	<i>FYCO1</i>	-3,945	4,383,885	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>FYCO1</i>	67	323,363	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_IAV	Monocytes_IAV
3:46205686:C:T	T	<i>FYCO1</i>	-96	2,25E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
3:46208310:A:G	G	<i>FYCO1</i>	67	323,363	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_IAV	Monocytes_IAV
3:46208310:A:G	A	<i>FYCO1</i>	-96	2,25E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
3:46214670:C:T	T	<i>FYCO1</i>	68	309,188	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_IAV	Monocytes_IAV
3:46214670:C:T	C	<i>FYCO1</i>	-96	2,25E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
3:46214685:A:C	C	<i>FYCO1</i>	157	267,032	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46249943:G:GTTC	G	<i>FYCO1</i>	-92	2,25E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Tibial
3:46258902:C:T	T	<i>FYCO1</i>	140	467,528	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Artery_Tibial
3:46258902:C:T	C	<i>FYCO1</i>	-92	2,25E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
3:46205686:C:T	C	<i>GZMK</i>	-6,601	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>IL7R</i>	-4,990	532,225	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>KDSR</i>	-5,676	1,899	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>KLRB1</i>	-7,550	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>LTK</i>	-6,878	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>LZTFL1</i>	-5,782	4,51E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>LZTFL1</i>	-6,021	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>LZTFL1</i>	-6,364	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>LZTFL1</i>	-6,000	1,96E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	<i>LZTFL1</i>	-5,976	2,61E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>LZTFL1</i>	-6,043	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

3:46258902:C:T	T	<i>LZTFL1</i>	-5,532	13,984	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>NCALD</i>	-5,011	475,488	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>RORA</i>	-5,466	6,314	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>RORC</i>	-8,069	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>RP11-24F11.2</i>	442	3,42E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46187707:A:G	G	<i>RP11-24F11.2</i>	232	17,405	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46187707:A:G	G	<i>RP11-24F11.2</i>	-6,167	6,59E-06	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>RP11-24F11.2</i>	-5,745	5,79E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>RP11-24F11.2</i>	-5,314	35,784	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>RP11-24F11.2</i>	-3,930	4,639,153	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>RP11-24F11.2</i>	450	1,60E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46205686:C:T	C	<i>RP11-24F11.2</i>	232	173,854	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46205686:C:T	C	<i>RP11-24F11.2</i>	-6,365	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	<i>RP11-24F11.2</i>	450	1,60E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46208310:A:G	G	<i>RP11-24F11.2</i>	232	173,854	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46208310:A:G	G	<i>RP11-24F11.2</i>	-6,290	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	450	1,68E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46214670:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	232	174,001	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46214670:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	-6,284	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>RP11-24F11.2</i>	363	127,311	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46249139:A:AT	AT	<i>RP11-24F11.2</i>	151	684,735	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocyte_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>RP11-24F11.2</i>	510	90,039	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>RP11-24F11.2</i>	222	540,015	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>RP11-24F11.2</i>	131	393,936	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocyte_naive
3:46258902:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	279	491,921	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
3:46258902:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	516	808,065	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46258902:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	468	2,73E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
3:46258902:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	240	121,119	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
3:46258902:C:T	T	<i>RP11-24F11.2</i>	-5,742	5,79E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>SACM1L</i>	-6,870	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>SACM1L</i>	-7,337	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>SLAMF1</i>	-4,626	2,595,194	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>SMAD3</i>	-4,647	2,378,117	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>SYTL2</i>	-6,654	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	T	<i>TDGF1</i>	267	1,35E-22	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
3:46200823:A:C	C	<i>TDGF1</i>	240	1,35E-22	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
3:46205686:C:T	C	<i>TRAV1-2</i>	-6,504	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>XCR1</i>	182	16,311	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IaV	Monocytes_IaV
3:46187707:A:G	G	<i>XCR1</i>	238	3,16E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocyte_naive
3:46187707:A:G	G	<i>XCR1</i>	-8,510	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46187707:A:G	G	<i>XCR1</i>	-6,390	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46187707:A:G	A	<i>XCR1</i>	225	1,57E-06	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>XCR1</i>	172	98,462	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_IaV	Monocytes_IaV
3:46194638:C:T	C	<i>XCR1</i>	237	3,38E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocyte_naive
3:46194638:C:T	C	<i>XCR1</i>	-7,799	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46194638:C:T	C	<i>XCR1</i>	-7,512	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

3:46194638:C:T	T	<i>XCR1</i>	182	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>XCR1</i>	162	35,402	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46200823:A:C	A	<i>XCR1</i>	242	7,73E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	Monocyte_naive
3:46200823:A:C	A	<i>XCR1</i>	-8,394	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46200823:A:C	A	<i>XCR1</i>	-7,871	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46200823:A:C	C	<i>XCR1</i>	221	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>XCR1</i>	183	10,994	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46205686:C:T	C	<i>XCR1</i>	248	5,32E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	Monocyte_naive
3:46205686:C:T	C	<i>XCR1</i>	-8,551	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46205686:C:T	C	<i>XCR1</i>	-6,532	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46205686:C:T	T	<i>XCR1</i>	230	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46208310:A:G	G	<i>XCR1</i>	183	10,994	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46208310:A:G	G	<i>XCR1</i>	248	5,32E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	Monocyte_naive
3:46208310:A:G	G	<i>XCR1</i>	-8,591	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46208310:A:G	G	<i>XCR1</i>	-6,508	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46208310:A:G	A	<i>XCR1</i>	230	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>XCR1</i>	182	14,972	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46214670:C:T	T	<i>XCR1</i>	249	5,15E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	Monocyte_naive
3:46214670:C:T	T	<i>XCR1</i>	-8,567	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214670:C:T	T	<i>XCR1</i>	-6,493	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214670:C:T	C	<i>XCR1</i>	230	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>XCR1</i>	-9,029	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46214685:A:C	C	<i>XCR1</i>	-7,435	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3:46214685:A:C	A	<i>XCR1</i>	209	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46249139:A:AT	AT	<i>XCR1</i>	168	303,399	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46249139:A:AT	AT	<i>XCR1</i>	222	75,383	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	Monocyte_naive
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>XCR1</i>	167	688,605	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46249943:G:GTTC	GTTC	<i>XCR1</i>	218	218,038	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	Monocyte_naive
3:46249943:G:GTTC	G	<i>XCR1</i>	240	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>XCR1</i>	178	75,568	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_IAV	Monocytes_IAV
3:46258902:C:T	T	<i>XCR1</i>	226	51,295	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt_e_naive	Monocyte_naive
3:46258902:C:T	T	<i>XCR1</i>	-8,231	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
3:46258902:C:T	T	<i>XCR1</i>	-6,346	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
3p21.31 rs2087726 3:46258902:C:T	C	<i>XCR1</i>	242	1,57E-06	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:807523:A:C	A	<i>AC139887.4</i>	-5,875	5,98E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	6,495	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821553:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	6,550	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:822706:C:T	T	<i>AC139887.4</i>	6,539	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824332:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	-5,911	6,01E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824438:C:T	C	<i>AC139887.4</i>	6,426	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	<i>AC139887.4</i>	6,644	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824604:C:T	T	<i>AC139887.4</i>	6,496	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	C	<i>AC139887.4</i>	6,389	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	6,877	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	5,491	4,56E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824961:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	-5,081	26,921	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824976:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	6,201	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	<i>AC139887.4</i>	6,948	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

4:825370:C:T	T	AC139887.4	6,559	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825452:C:T	C	AC139887.4	6,613	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825534:A:G	A	AC139887.4	6,671	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	A	AC139887.4	6,648	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	AC139887.4	6,492	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	T	AC139887.4	5,971	6,06E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	CRIPAK	10,798	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	CRIPAK	141	3,39E-95	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:821490:A:G	A	CRIPAK	-7,461	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821553:A:G	A	CRIPAK	-7,517	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:822706:C:T	T	CRIPAK	-7,453	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824332:A:G	G	CRIPAK	-7,558	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824438:C:T	C	CRIPAK	-7,532	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824575:C:T	T	CRIPAK	-7,580	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824604:C:T	T	CRIPAK	-7,484	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824755:C:T	C	CRIPAK	-7,448	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824798:A:G	A	CRIPAK	-7,203	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824845:A:G	A	CRIPAK	-7,488	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824960:C:T	T	CRIPAK	-7,260	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824961:A:G	A	CRIPAK	6,685	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824976:A:G	A	CRIPAK	-7,094	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824988:A:G	A	CRIPAK	-7,132	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825370:C:T	T	CRIPAK	-7,444	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825452:C:T	C	CRIPAK	-7,458	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825534:A:G	A	CRIPAK	-7,445	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825990:A:G	A	CRIPAK	-7,156	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826014:C:T	T	CRIPAK	-7,163	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826044:C:T	T	CRIPAK	-7,168	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	DGKQ	-8,277	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	DGKQ	-146	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:821490:A:G	A	DGKQ	12,437	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821490:A:G	A	DGKQ	4,909	80,887	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	G	DGKQ	-146	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:821553:A:G	A	DGKQ	12,126	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821553:A:G	A	DGKQ	4,839	110,811	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821553:A:G	G	DGKQ	-146	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:822706:C:T	T	DGKQ	12,355	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:822706:C:T	C	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:823009:C: CCAGACAG	CCAGACAG	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824332:A:G	G	DGKQ	12,337	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824332:A:G	A	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824438:C:T	C	DGKQ	12,311	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824438:C:T	C	DGKQ	3,975	3,947,206	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824438:C:T	T	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824575:C:T	T	DGKQ	12,424	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824575:C:T	T	DGKQ	5,169	16,906	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	C	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824604:C:T	T	DGKQ	12,563	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824604:C:T	T	DGKQ	4,935	72,227	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824604:C:T	C	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824755:C:T	C	DGKQ	12,461	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824755:C:T	C	DGKQ	3,956	4,207,593	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	T	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta

4:824798:A:G	A	DGKQ	12,196	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824798:A:G	A	DGKQ	4,388	779,033	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	G	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824845:A:G	A	DGKQ	12,389	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824845:A:G	A	DGKQ	5,064	29,546	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	G	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824960:C:T	T	DGKQ	12,289	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824960:C:T	C	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824961:A:G	A	DGKQ	-10,748	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824961:A:G	A	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824976:A:G	A	DGKQ	12,360	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824976:A:G	A	DGKQ	4,817	120,344	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824976:A:G	G	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824988:A:G	A	DGKQ	12,454	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824988:A:G	A	DGKQ	4,036	314,287	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	G	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825370:C:T	T	DGKQ	12,307	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825370:C:T	T	DGKQ	4,760	151,624	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825370:C:T	C	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825452:C:T	C	DGKQ	12,325	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825452:C:T	C	DGKQ	5,041	33,728	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825452:C:T	T	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825534:A:G	A	DGKQ	12,270	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825534:A:G	A	DGKQ	4,775	1,407	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825534:A:G	G	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825990:A:G	A	DGKQ	12,052	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825990:A:G	A	DGKQ	4,604	296,831	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	G	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:826014:C:T	T	DGKQ	12,048	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826014:C:T	T	DGKQ	4,112	2,359,028	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	C	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:826044:C:T	T	DGKQ	12,067	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826044:C:T	T	DGKQ	4,125	2,239,243	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	C	DGKQ	-148	3,00E-38	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:821490:A:G	G	GAK	-169	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:821490:A:G	G	GAK	-95	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:821553:A:G	G	GAK	-169	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:821553:A:G	G	GAK	-95	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:822706:C:T	C	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:822706:C:T	C	GAK	-94	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:823009:C: CCAGACAG	CCAGACAG	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:823009:C: CCAGACAG	CCAGACAG	GAK	-94	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824332:A:G	A	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824332:A:G	A	GAK	-94	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824438:C:T	T	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824438:C:T	T	GAK	-94	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824575:C:T	C	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824575:C:T	C	GAK	-94	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824604:C:T	C	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824604:C:T	C	GAK	-94	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824755:C:T	T	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824755:C:T	T	GAK	-90	1,93E-13	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824798:A:G	G	GAK	-165	1,04E-19	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta

4:824798:A:G	G	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824845:A:G	G	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824845:A:G	G	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824960:C:T	C	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824960:C:T	C	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824961:A:G	A	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824961:A:G	A	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824976:A:G	G	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824976:A:G	G	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:824988:A:G	G	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:824988:A:G	G	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:825370:C:T	C	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825370:C:T	C	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:825452:C:T	T	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825452:C:T	T	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:825534:A:G	G	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825534:A:G	G	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:825990:A:G	G	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:825990:A:G	G	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:826014:C:T	C	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:826014:C:T	C	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:826044:C:T	C	GAK	-165	1,04E-19	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
4:826044:C:T	C	GAK	-94	1,93E-13	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
4:807523:A:C	A	<i>IDUA</i>	-4,630	1,056,538	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	<i>IDUA</i>	-4,811	1,259	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	<i>MFSD7</i>	-8,396	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	<i>MFSD7</i>	-4,019	336,556	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	<i>MFSD7</i>	-7,110	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,219	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821490:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,217	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821553:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,294	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821553:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,311	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:822706:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,167	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:822706:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,274	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824332:A:G	G	<i>MFSD7</i>	7,280	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824332:A:G	A	<i>MFSD7</i>	-6,484	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824438:C:T	C	<i>MFSD7</i>	7,285	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824438:C:T	C	<i>MFSD7</i>	7,459	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,415	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824575:C:T	T	<i>MFSD7</i>	4,169	1,866,771	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,427	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824604:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,282	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824604:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,193	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	C	<i>MFSD7</i>	7,288	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824755:C:T	C	<i>MFSD7</i>	4,087	2,586,684	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	C	<i>MFSD7</i>	7,394	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,240	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824798:A:G	A	<i>MFSD7</i>	3,938	4,502,794	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,670	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,250	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824845:A:G	A	<i>MFSD7</i>	6,555	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824960:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,170	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824960:C:T	C	<i>MFSD7</i>	-4,244	1,390,465	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824961:A:G	A	<i>MFSD7</i>	-4,445	602,321	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

4:824976:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,306	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824976:A:G	A	<i>MFSD7</i>	3,939	4,479,385	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824976:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,225	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,224	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824988:A:G	A	<i>MFSD7</i>	4,433	635,461	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	<i>MFSD7</i>	8,248	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825370:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,267	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825370:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,363	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825452:C:T	C	<i>MFSD7</i>	7,320	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825452:C:T	C	<i>MFSD7</i>	7,435	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825534:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,308	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825534:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,361	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,315	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825990:A:G	A	<i>MFSD7</i>	4,187	1,741,047	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	A	<i>MFSD7</i>	7,489	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,329	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826014:C:T	T	<i>MFSD7</i>	4,352	902,425	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	<i>MFSD7</i>	8,152	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,317	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826044:C:T	T	<i>MFSD7</i>	3,979	3,890,237	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	T	<i>MFSD7</i>	7,765	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	<i>MYL5</i>	-6,621	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	<i>MYL5</i>	-3,956	4,207,593	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	<i>MYL5</i>	-4,019	336,556	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	A	<i>MYL5</i>	5,870	3,24E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821553:A:G	A	<i>MYL5</i>	5,908	2,60E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:822706:C:T	T	<i>MYL5</i>	5,897	2,59E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824332:A:G	G	<i>MYL5</i>	5,915	2,60E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824438:C:T	C	<i>MYL5</i>	5,837	3,23E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824438:C:T	C	<i>MYL5</i>	3,959	4,172,558	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	<i>MYL5</i>	5,802	4,52E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824575:C:T	T	<i>MYL5</i>	4,107	2,421,043	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	<i>MYL5</i>	4,169	1,866,771	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824604:C:T	T	<i>MYL5</i>	5,843	3,23E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824755:C:T	C	<i>MYL5</i>	5,820	4,52E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824755:C:T	C	<i>MYL5</i>	4,087	2,586,684	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	A	<i>MYL5</i>	6,173	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824798:A:G	A	<i>MYL5</i>	3,938	4,502,794	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	A	<i>MYL5</i>	5,787	4,51E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824960:C:T	T	<i>MYL5</i>	5,561	1,146	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824976:A:G	A	<i>MYL5</i>	5,601	10,847	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824976:A:G	A	<i>MYL5</i>	3,939	4,479,385	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	<i>MYL5</i>	5,608	1,085	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824988:A:G	A	<i>MYL5</i>	4,071	2,747,912	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	<i>MYL5</i>	4,433	635,461	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825370:C:T	T	<i>MYL5</i>	5,830	3,88E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825452:C:T	C	<i>MYL5</i>	5,830	3,88E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825534:A:G	A	<i>MYL5</i>	5,834	3,88E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825990:A:G	A	<i>MYL5</i>	6,106	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825990:A:G	A	<i>MYL5</i>	3,919	4,835,289	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	A	<i>MYL5</i>	4,187	1,741,047	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	<i>MYL5</i>	6,095	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826014:C:T	T	<i>MYL5</i>	4,207	1,606,087	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	<i>MYL5</i>	4,352	902,425	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

4:826044:C:T	T	MYL5	6,125	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826044:C:T	T	MYL5	3,979	3,890,237	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	T	MYL5	3,981	3,858,549	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	C	PCGF3	-343	1,82E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
4:807523:A:C	C	PCGF3	-98	26,548	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:807523:A:C	A	PCGF3	-14,431	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	PCGF3	-4,953	62,368	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	PCGF3	-5,875	5,98E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	PCGF3	-6,681	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	PCGF3	-262	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:821490:A:G	A	PCGF3	-82	69,315	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:821490:A:G	A	PCGF3	14,771	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821490:A:G	A	PCGF3	6,495	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	A	PCGF3	7,105	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	A	PCGF3	8,099	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	G	PCGF3	-227	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:821553:A:G	A	PCGF3	-85	350,743	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:821553:A:G	A	PCGF3	14,818	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821553:A:G	A	PCGF3	6,550	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821553:A:G	A	PCGF3	7,181	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821553:A:G	A	PCGF3	8,159	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821553:A:G	G	PCGF3	-227	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:822706:C:T	T	PCGF3	-85	290,389	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:822706:C:T	T	PCGF3	14,599	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:822706:C:T	T	PCGF3	6,539	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:822706:C:T	T	PCGF3	7,121	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:822706:C:T	T	PCGF3	8,077	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:822706:C:T	C	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:823009:C:CCAGACAG	C	PCGF3	-85	426,634	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:823009:C:CCAGACAG	CCAGACAG	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:824332:A:G	G	PCGF3	-87	180,023	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824332:A:G	G	PCGF3	14,828	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824332:A:G	A	PCGF3	-5,911	6,01E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824332:A:G	A	PCGF3	-6,223	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824332:A:G	A	PCGF3	-7,190	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824332:A:G	A	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:824438:C:T	C	PCGF3	-85	285,165	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824438:C:T	C	PCGF3	14,771	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824438:C:T	C	PCGF3	6,426	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824438:C:T	C	PCGF3	7,514	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824438:C:T	C	PCGF3	8,431	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824438:C:T	T	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:824575:C:T	T	PCGF3	-85	285,165	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824575:C:T	T	PCGF3	14,743	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824575:C:T	T	PCGF3	6,644	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	PCGF3	7,197	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	PCGF3	8,184	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	C	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:824604:C:T	T	PCGF3	-85	285,165	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824604:C:T	T	PCGF3	14,719	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824604:C:T	T	PCGF3	6,496	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824604:C:T	T	PCGF3	7,108	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824604:C:T	T	PCGF3	8,091	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

4:824604:C:T	C	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:824755:C:T	C	PCGF3	-87	175,909	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824755:C:T	C	PCGF3	14,772	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824755:C:T	C	PCGF3	6,389	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	C	PCGF3	6,926	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	C	PCGF3	7,918	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	T	PCGF3	-220	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:824798:A:G	A	PCGF3	14,326	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824798:A:G	A	PCGF3	6,877	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	A	PCGF3	7,761	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	A	PCGF3	8,668	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	G	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:824845:A:G	A	PCGF3	-84	446,966	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824845:A:G	A	PCGF3	14,718	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824845:A:G	A	PCGF3	5,491	4,56E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	A	PCGF3	6,000	6,08E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	A	PCGF3	6,990	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	G	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:824960:C:T	T	PCGF3	-83	111,305	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824960:C:T	T	PCGF3	13,877	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824960:C:T	C	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:824961:A:G	G	PCGF3	-83	111,305	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824961:A:G	A	PCGF3	-10,679	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824961:A:G	A	PCGF3	-5,081	26,921	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824961:A:G	A	PCGF3	-5,124	21,683	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824961:A:G	A	PCGF3	-5,809	1,19E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824961:A:G	A	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:824976:A:G	A	PCGF3	-84	779,095	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824976:A:G	A	PCGF3	14,196	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824976:A:G	A	PCGF3	6,201	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824976:A:G	A	PCGF3	6,950	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824976:A:G	A	PCGF3	7,777	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824976:A:G	G	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:824988:A:G	A	PCGF3	-82	109,395	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:824988:A:G	A	PCGF3	14,183	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824988:A:G	A	PCGF3	6,948	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	PCGF3	7,671	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	PCGF3	8,489	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	G	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:825370:C:T	T	PCGF3	-86	202,971	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:825370:C:T	T	PCGF3	14,846	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825370:C:T	T	PCGF3	6,559	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825370:C:T	T	PCGF3	7,323	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825370:C:T	T	PCGF3	8,248	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825370:C:T	C	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:825452:C:T	C	PCGF3	-86	225,437	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:825452:C:T	C	PCGF3	14,860	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825452:C:T	C	PCGF3	6,613	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825452:C:T	C	PCGF3	7,092	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825452:C:T	C	PCGF3	8,088	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825452:C:T	T	PCGF3	-223	2,48E-69	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
4:825534:A:G	A	PCGF3	-83	572,165	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
4:825534:A:G	A	PCGF3	14,861	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825534:A:G	A	PCGF3	6,671	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

4:825534:A:G	A	<i>PCGF3</i>	7,241	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825534:A:G	A	<i>PCGF3</i>	8,210	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825534:A:G	G	<i>PCGF3</i>	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:825990:A:G	A	<i>PCGF3</i>	14,379	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:825990:A:G	A	<i>PCGF3</i>	6,648	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	A	<i>PCGF3</i>	7,181	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	A	<i>PCGF3</i>	8,243	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	G	<i>PCGF3</i>	-222	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:826014:C:T	T	<i>PCGF3</i>	14,347	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826014:C:T	T	<i>PCGF3</i>	6,492	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	<i>PCGF3</i>	6,969	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	<i>PCGF3</i>	7,935	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	C	<i>PCGF3</i>	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:826044:C:T	T	<i>PCGF3</i>	14,382	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:826044:C:T	T	<i>PCGF3</i>	5,971	6,06E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	T	<i>PCGF3</i>	6,751	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	T	<i>PCGF3</i>	7,455	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	C	<i>PCGF3</i>	-223	2,48E-69	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
4:807523:A:C	A	<i>RP11-440L14.1</i>	-4,953	62,368	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821490:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	7,105	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:821553:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	7,181	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:822706:C:T	T	<i>RP11-440L14.1</i>	7,121	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824332:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	-6,223	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824438:C:T	C	<i>RP11-440L14.1</i>	7,514	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824575:C:T	T	<i>RP11-440L14.1</i>	7,197	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824604:C:T	T	<i>RP11-440L14.1</i>	7,108	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824755:C:T	C	<i>RP11-440L14.1</i>	6,926	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824798:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	7,761	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824845:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	6,000	6,08E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824961:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	-5,124	21,683	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824976:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	6,950	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:824988:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	7,671	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825370:C:T	T	<i>RP11-440L14.1</i>	7,323	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825452:C:T	C	<i>RP11-440L14.1</i>	7,092	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825534:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	7,241	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:825990:A:G	A	<i>RP11-440L14.1</i>	7,181	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826014:C:T	T	<i>RP11-440L14.1</i>	6,969	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:826044:C:T	T	<i>RP11-440L14.1</i>	6,751	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
4:807523:A:C	A	<i>TMEM175</i>	-7,167	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:807523:A:C	A	<i>UVSSA</i>	11,111	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821490:A:G	A	<i>UVSSA</i>	-7,320	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:821553:A:G	A	<i>UVSSA</i>	-7,293	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:822706:C:T	T	<i>UVSSA</i>	-7,327	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824332:A:G	G	<i>UVSSA</i>	-7,196	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824438:C:T	C	<i>UVSSA</i>	-7,346	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824575:C:T	T	<i>UVSSA</i>	-7,464	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824604:C:T	T	<i>UVSSA</i>	-7,294	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824755:C:T	C	<i>UVSSA</i>	-7,248	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824798:A:G	A	<i>UVSSA</i>	-7,248	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824845:A:G	A	<i>UVSSA</i>	-7,247	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824960:C:T	T	<i>UVSSA</i>	-6,916	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824961:A:G	A	<i>UVSSA</i>	5,175	74,748	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824976:A:G	A	<i>UVSSA</i>	-6,821	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4:824988:A:G	A	<i>UVSSA</i>	-6,885	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

		4:825370:C:T	T	UVSSA	-7,274	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		4:825452:C:T	C	UVSSA	-7,271	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		4:825534:A:G	A	UVSSA	-7,306	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		4:825990:A:G	A	UVSSA	-7,295	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		4:826014:C:T	T	UVSSA	-7,288	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
4p16.2	rs4690319	4:826044:C:T	T	UVSSA	-7,334	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131383667:A:C	A	AC034220.3	605	471,521	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		5:131383667:A:C	C	AC034220.3	8,272	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131396332:C:T	C	AC034220.3	626	230,502	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		5:131396332:C:T	T	AC034220.3	8,167	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131396478:C:T	C	AC034220.3	643	107,875	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
		5:131396478:C:T	T	AC034220.3	8,430	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131404446:A:T	A	AC034220.3	439	473,384	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T-cell
		5:131404446:A:T	T	AC034220.3	8,705	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131405027:C:T	T	AC034220.3	439	473,777	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T-cell
		5:131405027:C:T	C	AC034220.3	8,723	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131407044:A:G	G	AC034220.3	8,340	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131407139:A:T	A	AC034220.3	8,249	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131413721:A:G	A	AC034220.3	7,105	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131415066:C:G	C	AC034220.3	8,348	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131415066:C:G	C	AC034220.3	7,469	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131422512:A:C	C	AC034220.3	8,378	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131422512:A:C	C	AC034220.3	7,473	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131438810:C:T	T	AC034220.3	8,453	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131438810:C:T	T	AC034220.3	6,636	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131438810:C:T	T	AC034220.3	6,817	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131439161:C:T	T	AC034220.3	8,358	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131439161:C:T	T	AC034220.3	6,640	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131439161:C:T	T	AC034220.3	6,832	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131439336:A:T	T	AC034220.3	8,420	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131439336:A:T	T	AC034220.3	6,644	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131439336:A:T	T	AC034220.3	6,832	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131440620:G:T	T	AC034220.3	8,614	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131440620:G:T	T	AC034220.3	6,648	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131440620:G:T	T	AC034220.3	6,832	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131441500:C:G	G	AC034220.3	8,227	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131441500:C:G	G	AC034220.3	6,648	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131441500:C:G	G	AC034220.3	6,832	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131442305:C:T	T	AC034220.3	9,087	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131442305:C:T	T	AC034220.3	6,651	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131442305:C:T	T	AC034220.3	7,602	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131442463:A:C	C	AC034220.3	5,315	35,786	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131442463:A:C	C	AC034220.3	6,684	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131442463:A:C	C	AC034220.3	7,919	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131442689:A:G	G	AC034220.3	6,894	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131442689:A:G	G	AC034220.3	7,956	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131445660:A:T	T	AC034220.3	8,436	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131445660:A:T	T	AC034220.3	6,666	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131445660:A:T	T	AC034220.3	6,747	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131448757:A:G	G	AC034220.3	8,333	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131448757:A:G	G	AC034220.3	6,684	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131448757:A:G	G	AC034220.3	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131449029:G:T	G	AC034220.3	8,099	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131449029:G:T	G	AC034220.3	6,684	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	AC034220.3	7,937	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449049:C:T	T	AC034220.3	8,621	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	AC034220.3	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449049:C:T	T	AC034220.3	6,708	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	AC034220.3	8,387	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	AC034220.3	6,702	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	AC034220.3	7,948	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450542:G:T	G	AC034220.3	8,662	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	AC034220.3	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450542:G:T	G	AC034220.3	6,708	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	AC034220.3	8,174	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	AC034220.3	6,747	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	AC034220.3	7,872	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	AC034220.3	7,998	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	AC034220.3	6,684	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	AC034220.3	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	AC034220.3	9,278	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457028:A:G	A	AC034220.3	6,837	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	AC034220.3	7,084	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	AC034220.3	7,537	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	AC034220.3	9,582	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	AC034220.3	6,314	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	AC034220.3	6,784	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	AC034220.3	7,107	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	C	AC034220.3	305	487,411	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
5:131457797:C:G	G	AC034220.3	10,205	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	AC034220.3	6,675	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	AC034220.3	7,039	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	AC034220.3	7,232	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	AC034220.3	9,266	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458274:A:T	A	AC034220.3	6,837	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	AC034220.3	7,084	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	AC034220.3	7,537	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	AC034220.3	8,272	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	AC034220.3	6,620	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	AC034220.3	6,669	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	AC034220.3	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459348:C:T	T	AC034220.3	8,438	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459348:C:T	T	AC034220.3	6,577	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459348:C:T	T	AC034220.3	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459348:C:T	T	AC034220.3	6,703	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	AC034220.3	8,165	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	AC034220.3	6,620	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	AC034220.3	6,669	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	AC034220.3	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131460597:A:G	A	AC034220.3	8,291	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131460597:A:G	A	AC034220.3	6,577	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131460597:A:G	A	AC034220.3	6,695	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131460597:A:G	A	AC034220.3	6,703	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461341:C:T	T	AC034220.3	8,498	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461341:C:T	T	AC034220.3	6,577	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461341:C:T	T	AC034220.3	6,695	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131461341:C:T	T	AC034220.3	6,703	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	AC034220.3	8,294	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	AC034220.3	6,620	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	AC034220.3	6,669	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	AC034220.3	7,908	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	A	AC034220.3	8,468	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461720:A:T	A	AC034220.3	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	A	AC034220.3	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	A	AC034220.3	6,703	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	AC034220.3	9,565	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	AC034220.3	6,328	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	AC034220.3	6,854	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	AC034220.3	7,072	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131464524:A:G	G	AC034220.3	9,154	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131464524:A:G	G	AC034220.3	6,837	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131464524:A:G	G	AC034220.3	7,084	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131464524:A:G	G	AC034220.3	7,537	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131465688:C:T	T	AC034220.3	8,473	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	AC034220.3	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131465688:C:T	T	AC034220.3	6,674	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131465688:C:T	T	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131468507:A:G	A	AC034220.3	8,402	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131468507:A:G	A	AC034220.3	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131468507:A:G	A	AC034220.3	6,674	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131468507:A:G	A	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	C	AC034220.3	305	486,854	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
5:131469004:C:T	T	AC034220.3	9,980	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	AC034220.3	6,702	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	T	AC034220.3	6,998	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	T	AC034220.3	7,204	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469802:A:C	C	AC034220.3	9,519	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	AC034220.3	6,342	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469802:A:C	C	AC034220.3	6,869	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469802:A:C	C	AC034220.3	7,086	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131471874:C:G	G	AC034220.3	8,601	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131471874:C:G	G	AC034220.3	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131471874:C:G	G	AC034220.3	6,674	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131471874:C:G	G	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472366:C:T	T	AC034220.3	8,324	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472366:C:T	T	AC034220.3	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472366:C:T	T	AC034220.3	6,674	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472366:C:T	T	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	AC034220.3	9,174	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472553:C:T	T	AC034220.3	6,453	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	AC034220.3	6,636	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	AC034220.3	7,573	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131473650:C:T	C	AC034220.3	9,373	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	AC034220.3	6,342	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131473650:C:T	C	AC034220.3	6,798	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131473650:C:T	C	AC034220.3	7,106	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131478034:C:T	C	AC034220.3	8,604	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	AC034220.3	6,651	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131478034:C:T	C	AC034220.3	6,664	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131478034:C:T	C	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131479631:A:G	A	AC034220.3	8,598	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	AC034220.3	6,651	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131479631:A:G	A	AC034220.3	6,664	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131479631:A:G	A	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131480931:A:G	A	AC034220.3	8,657	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	AC034220.3	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131480931:A:G	A	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131480931:A:G	A	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482099:A:T	A	AC034220.3	9,137	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	AC034220.3	8,566	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	AC034220.3	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482244:A:T	T	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482244:A:T	T	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131485506:C:G	G	AC034220.3	8,583	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131485506:C:G	G	AC034220.3	6,664	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131485506:C:G	G	AC034220.3	6,666	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131485506:C:G	G	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131486895:A:T	A	AC034220.3	8,543	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131486895:A:T	A	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131486895:A:T	A	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	T	AC034220.3	4,832	410,541	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131487806:A:T	T	AC034220.3	6,852	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	T	AC034220.3	7,098	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	T	AC034220.3	7,551	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131488863:A:G	A	AC034220.3	9,932	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	AC034220.3	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131488863:A:G	A	AC034220.3	6,883	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131488863:A:G	A	AC034220.3	7,100	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490049:A:T	T	AC034220.3	8,555	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490049:A:T	T	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490049:A:T	T	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490113:C:G	G	AC034220.3	8,532	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490113:C:G	G	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490113:C:G	G	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490113:C:G	G	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131491850:A:G	A	AC034220.3	8,684	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131491850:A:G	A	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131491850:A:G	A	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131491850:A:G	A	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492527:C:T	C	AC034220.3	8,325	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492527:C:T	C	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492527:C:T	C	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492527:C:T	C	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492616:A:G	A	AC034220.3	8,333	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492616:A:G	A	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492616:A:G	A	AC034220.3	6,689	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492616:A:G	A	AC034220.3	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492723:A:C	A	AC034220.3	8,345	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492723:A:C	A	AC034220.3	6,652	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492723:A:C	A	AC034220.3	6,661	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492723:A:C	A	AC034220.3	6,692	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131500700:C:T	T	AC034220.3	9,198	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	AC034220.3	6,468	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131500700:C:T	T	AC034220.3	6,651	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131500700:C:T	T	AC034220.3	7,587	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501134:C:T	C	AC034220.3	9,562	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	AC034220.3	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501134:C:T	C	AC034220.3	6,827	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501134:C:T	C	AC034220.3	7,121	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	C	AC034220.3	9,552	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	AC034220.3	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	C	AC034220.3	6,898	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	C	AC034220.3	7,100	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131502503:C:T	T	AC034220.3	9,315	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	AC034220.3	6,300	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131502503:C:T	T	AC034220.3	6,799	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131502503:C:T	T	AC034220.3	7,150	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131503340:A:G	A	AC034220.3	4,691	782,082	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	AC034220.3	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131503340:A:G	A	AC034220.3	6,827	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131503340:A:G	A	AC034220.3	7,121	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131507072:A:G	G	AC034220.3	9,477	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	AC034220.3	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131507072:A:G	G	AC034220.3	6,898	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131507072:A:G	G	AC034220.3	7,100	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131509271:A:G	G	AC034220.3	9,485	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	AC034220.3	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131509271:A:G	G	AC034220.3	6,898	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131509271:A:G	G	AC034220.3	7,100	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131511141:A:T	T	AC034220.3	8,535	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131511141:A:T	T	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131511141:A:T	T	AC034220.3	6,703	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131511141:A:T	T	AC034220.3	6,709	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512046:C:T	T	AC034220.3	6,748	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512046:C:T	T	AC034220.3	5,128	21,154	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512046:C:T	T	AC034220.3	5,306	8,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512277:A:G	A	AC034220.3	8,422	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	AC034220.3	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512277:A:G	A	AC034220.3	6,703	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512277:A:G	A	AC034220.3	6,709	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	AC034220.3	9,053	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	AC034220.3	6,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	AC034220.3	7,067	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	AC034220.3	7,693	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	C	AC034220.3	305	360,649	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils
5:131515413:C:T	T	AC034220.3	9,946	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	AC034220.3	6,749	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	T	AC034220.3	7,032	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	T	AC034220.3	7,388	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	AC034220.3	9,956	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	AC034220.3	6,749	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	AC034220.3	7,018	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	AC034220.3	7,388	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131517482:C:T	C	AC034220.3	304	41,079	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	Neutrophils

5:131517482:C:T	T	AC034220.3	9,276	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	AC034220.3	6,512	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131517482:C:T	T	AC034220.3	6,902	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131517482:C:T	T	AC034220.3	7,070	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131518843:C:T	C	AC034220.3	8,358	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	AC034220.3	6,648	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131518843:C:T	C	AC034220.3	6,656	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131518843:C:T	C	AC034220.3	6,823	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131519540:A:G	A	AC034220.3	8,320	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	AC034220.3	6,365	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131519540:A:G	A	AC034220.3	6,408	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131519540:A:G	A	AC034220.3	6,756	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523012:C:G	G	AC034220.3	8,468	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	AC034220.3	6,667	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523012:C:G	G	AC034220.3	6,691	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523012:C:G	G	AC034220.3	7,920	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525881:C:T	C	AC034220.3	8,706	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525881:C:T	C	AC034220.3	4,047	3,020,324	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525881:C:T	C	AC034220.3	4,123	2,259,244	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525881:C:T	C	AC034220.3	4,276	1,238,675	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525883:C:T	T	AC034220.3	8,652	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	AC034220.3	9,543	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	AC034220.3	6,373	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131526736:C:T	C	AC034220.3	6,985	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131526736:C:T	C	AC034220.3	7,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527012:C:T	T	AC034220.3	6,696	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527012:C:T	T	AC034220.3	6,697	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527012:C:T	T	AC034220.3	6,705	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	AC034220.3	9,405	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527321:C:T	T	AC034220.3	6,573	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	AC034220.3	6,743	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	AC034220.3	7,617	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527714:C:T	T	AC034220.3	8,601	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527714:C:T	T	AC034220.3	6,696	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527714:C:T	T	AC034220.3	6,697	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527714:C:T	T	AC034220.3	6,705	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131539025:C:T	C	AC034220.3	8,568	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131539025:C:T	C	AC034220.3	6,711	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131539025:C:T	C	AC034220.3	6,739	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131539025:C:T	C	AC034220.3	6,748	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540053:C:T	T	AC034220.3	8,574	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540053:C:T	T	AC034220.3	6,750	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540053:C:T	T	AC034220.3	6,751	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540053:C:T	T	AC034220.3	6,760	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540875:G:T	T	AC034220.3	8,637	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540875:G:T	T	AC034220.3	6,726	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540875:G:T	T	AC034220.3	6,739	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540875:G:T	T	AC034220.3	6,748	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131543766:A:G	A	AC034220.3	9,169	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	AC034220.3	6,533	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131543766:A:G	A	AC034220.3	6,976	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131543766:A:G	A	AC034220.3	7,140	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131545168:C:T	T	AC034220.3	8,281	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131545168:C:T	T	AC034220.3	6,723	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131545168:C:T	T	AC034220.3	6,743	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131545168:C:T	T	AC034220.3	6,885	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131548938:A:G	A	AC034220.3	9,551	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131548938:A:G	A	AC034220.3	6,425	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131548938:A:G	A	AC034220.3	7,019	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131548938:A:G	A	AC034220.3	7,231	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131550442:C:T	T	AC034220.3	8,556	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131550442:C:T	T	AC034220.3	6,763	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131550442:C:T	T	AC034220.3	6,786	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131550442:C:T	T	AC034220.3	6,795	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131383667:A:C	C	AC034228.7	11,578	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131383667:A:C	C	AC034228.7	507	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396332:C:T	T	AC034228.7	11,618	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131396332:C:T	T	AC034228.7	498	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396478:C:T	T	AC034228.7	11,637	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131396478:C:T	T	AC034228.7	500	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131404446:A:T	T	AC034228.7	11,342	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131404446:A:T	T	AC034228.7	461	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131405027:C:T	C	AC034228.7	11,336	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131405027:C:T	C	AC034228.7	461	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407044:A:G	G	AC034228.7	10,971	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131407044:A:G	G	AC034228.7	492	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407139:A:T	A	AC034228.7	11,012	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131407139:A:T	A	AC034228.7	496	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131413721:A:G	A	AC034228.7	6,483	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131413721:A:G	A	AC034228.7	557	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131414390:T:TG	TG	AC034228.7	429	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131415066:C:G	C	AC034228.7	10,421	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131415066:C:G	C	AC034228.7	436	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131422512:A:C	C	AC034228.7	10,417	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131422512:A:C	C	AC034228.7	426	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131434930:C:CT	CT	AC034228.7	462	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131438810:C:T	T	AC034228.7	9,991	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131438810:C:T	T	AC034228.7	467	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131439161:C:T	T	AC034228.7	9,943	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439161:C:T	T	AC034228.7	467	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131439336:A:T	T	AC034228.7	9,943	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439336:A:T	T	AC034228.7	467	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131440620:G:T	T	AC034228.7	9,924	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131440620:G:T	T	AC034228.7	484	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131441500:C:G	G	AC034228.7	9,924	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131441500:C:G	G	AC034228.7	456	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442305:C:T	T	AC034228.7	10,252	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442305:C:T	T	AC034228.7	440	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442463:A:C	C	AC034228.7	10,232	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442463:A:C	C	AC034228.7	4,002	3,574,313	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442463:A:C	C	AC034228.7	451	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442689:A:G	G	AC034228.7	10,209	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442689:A:G	G	AC034228.7	3,972	3,979,219	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131445660:A:T	T	AC034228.7	9,935	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131445660:A:T	T	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131448757:A:G	G	AC034228.7	10,228	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131448757:A:G	G	AC034228.7	4,002	3,574,313	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131448757:A:G	G	AC034228.7	451	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood

5:131449029:G:T	G	AC034228.7	10,228	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	AC034228.7	4,002	3,574,313	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	AC034228.7	467	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131449049:C:T	T	AC034228.7	9,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449049:C:T	T	AC034228.7	463	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131450063:A:G	G	AC034228.7	10,247	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	AC034228.7	4,010	3,470,821	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	AC034228.7	451	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131450542:G:T	G	AC034228.7	9,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450542:G:T	G	AC034228.7	477	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451633:A:G	G	AC034228.7	10,221	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	AC034228.7	4,108	2,408,048	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	AC034228.7	467	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451856:A: AAGAC	A	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131452423:C:T	T	AC034228.7	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	AC034228.7	4,002	3,574,313	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	AC034228.7	467	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457028:A:G	A	AC034228.7	9,307	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	AC034228.7	456	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457162:A:G	G	AC034228.7	8,969	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	AC034228.7	487	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457797:C:G	G	AC034228.7	9,322	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	AC034228.7	460	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458274:A:T	A	AC034228.7	9,307	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	AC034228.7	455	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458866:A:C	C	AC034228.7	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	AC034228.7	4,017	3,390,623	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	AC034228.7	451	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131459348:C:T	T	AC034228.7	9,920	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459348:C:T	T	AC034228.7	469	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131459372:C:T	T	AC034228.7	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	AC034228.7	4,017	3,390,623	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	AC034228.7	466	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131460597:A:G	A	AC034228.7	9,920	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131460597:A:G	A	AC034228.7	452	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461341:C:T	T	AC034228.7	9,905	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461341:C:T	T	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461414:G:T	G	AC034228.7	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	AC034228.7	4,017	3,390,623	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	AC034228.7	452	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461720:A:T	A	AC034228.7	9,905	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	A	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461896:C:T	C	AC034228.7	8,913	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	AC034228.7	480	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131464524:A:G	G	AC034228.7	455	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131465688:C:T	T	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131468507:A:G	A	AC034228.7	469	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131469004:C:T	T	AC034228.7	458	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131469802:A:C	C	AC034228.7	480	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131470185:T:TAA	TAA	AC034228.7	476	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131471874:C:G	G	AC034228.7	450	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131472366:C:T	T	AC034228.7	469	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131472553:C:T	T	AC034228.7	454	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood

5:131473650:C:T	C	AC034228.7	477	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131478034:C:T	C	AC034228.7	477	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131479631:A:G	A	AC034228.7	463	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131480931:A:G	A	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131482099:A:T	A	AC034228.7	451	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131482244:A:T	T	AC034228.7	484	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131485506:C:G	G	AC034228.7	477	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131486313:A: AAAGAG	AAAGAG	AC034228.7	451	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131486895:A:T	A	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131487806:A:T	T	AC034228.7	456	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131488863:A:G	A	AC034228.7	472	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131490049:A:T	T	AC034228.7	476	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131490113:C:G	G	AC034228.7	476	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131491850:A:G	A	AC034228.7	450	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492527:C:T	C	AC034228.7	469	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492616:A:G	A	AC034228.7	469	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492723:A:C	A	AC034228.7	469	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131500700:C:T	T	AC034228.7	461	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131501134:C:T	C	AC034228.7	455	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131501905:C:T	C	AC034228.7	480	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131502503:C:T	T	AC034228.7	472	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131503340:A:G	A	AC034228.7	478	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131505047:A: ACT	ACT	AC034228.7	460	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131507072:A:G	G	AC034228.7	480	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131509271:A:G	G	AC034228.7	466	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131511141:A:T	T	AC034228.7	484	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131512277:A:G	A	AC034228.7	469	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131513712:A:G	G	AC034228.7	440	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131515413:C:T	T	AC034228.7	423	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131515730:C:T	T	AC034228.7	423	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131517482:C:T	T	AC034228.7	456	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131518843:C:T	C	AC034228.7	450	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131519540:A:G	A	AC034228.7	450	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131523012:C:G	G	AC034228.7	429	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131523776:C: CCTGA	C	AC034228.7	471	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131525881:C:T	C	AC034228.7	471	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131525883:C:T	T	AC034228.7	471	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131526736:C:T	C	AC034228.7	474	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527012:C:T	T	AC034228.7	434	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527247:T:TG	TG	AC034228.7	435	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527321:C:T	T	AC034228.7	445	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527714:C:T	T	AC034228.7	471	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131539025:C:T	C	AC034228.7	472	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131540053:C:T	T	AC034228.7	472	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131540875:G:T	T	AC034228.7	485	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131543766:A:G	A	AC034228.7	453	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131545168:C:T	T	AC034228.7	450	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131548938:A:G	A	AC034228.7	475	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131550442:C:T	T	AC034228.7	472	5,93E-37	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131413721:A:G	A	AC116366.5	-5,565	11,464	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131404446:A:T	T	AC116366.6	-112	5,80E-22	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131405027:C:T	C	AC116366.6	-112	5,80E-22	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407044:A:G	G	AC116366.6	-134	5,80E-22	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood

5:131407139:A:T	A	AC116366.6	-121	5,80E-22	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131383667:A:C	C	ACSL6	9,494	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131383667:A:C	C	ACSL6	11,578	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131383667:A:C	C	ACSL6	122	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396332:C:T	T	ACSL6	9,425	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396332:C:T	T	ACSL6	11,618	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131396332:C:T	T	ACSL6	121	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396478:C:T	T	ACSL6	9,828	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396478:C:T	T	ACSL6	11,637	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131396478:C:T	T	ACSL6	96	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131404446:A:T	T	ACSL6	9,166	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131404446:A:T	T	ACSL6	11,342	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131404446:A:T	T	ACSL6	87	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131405027:C:T	C	ACSL6	9,055	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131405027:C:T	C	ACSL6	11,336	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131405027:C:T	C	ACSL6	87	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407044:A:G	G	ACSL6	8,002	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407044:A:G	G	ACSL6	10,971	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131407044:A:G	G	ACSL6	99	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407139:A:T	A	ACSL6	8,317	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407139:A:T	A	ACSL6	11,012	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131407139:A:T	A	ACSL6	105	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131413721:A:G	A	ACSL6	13,348	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131413721:A:G	A	ACSL6	6,194	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131413721:A:G	A	ACSL6	6,483	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131413721:A:G	A	ACSL6	143	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131414390:T:TG	TG	ACSL6	111	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131415066:C:G	C	ACSL6	8,329	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131415066:C:G	C	ACSL6	10,421	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131415066:C:G	C	ACSL6	109	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131422512:A:C	C	ACSL6	8,212	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131422512:A:C	C	ACSL6	10,417	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131422512:A:C	C	ACSL6	107	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131434930:C:CT	CT	ACSL6	112	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131438810:C:T	T	ACSL6	7,051	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131438810:C:T	T	ACSL6	9,991	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131438810:C:T	T	ACSL6	91	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131439161:C:T	T	ACSL6	7,011	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439161:C:T	T	ACSL6	9,943	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439161:C:T	T	ACSL6	91	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131439336:A:T	T	ACSL6	7,133	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439336:A:T	T	ACSL6	9,943	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439336:A:T	T	ACSL6	91	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131440620:G:T	T	ACSL6	7,192	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131440620:G:T	T	ACSL6	9,924	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131440620:G:T	T	ACSL6	109	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131441500:C:G	G	ACSL6	6,996	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131441500:C:G	G	ACSL6	9,924	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131441500:C:G	G	ACSL6	106	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442305:C:T	T	ACSL6	7,239	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442305:C:T	T	ACSL6	10,252	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442305:C:T	T	ACSL6	105	1,81E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442463:A:C	C	ACSL6	8,743	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442463:A:C	C	ACSL6	10,232	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131442463:A:C	C	ACSL6	97	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442689:A:G	G	ACSL6	6,849	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442689:A:G	G	ACSL6	10,209	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131445660:A:T	T	ACSL6	7,068	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131445660:A:T	T	ACSL6	9,935	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131445660:A:T	T	ACSL6	111	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131448757:A:G	G	ACSL6	8,539	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	G	ACSL6	10,228	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131448757:A:G	G	ACSL6	97	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131449029:G:T	G	ACSL6	8,427	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449029:G:T	G	ACSL6	10,228	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	ACSL6	94	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131449049:C:T	T	ACSL6	6,974	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	ACSL6	9,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449049:C:T	T	ACSL6	121	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131450063:A:G	G	ACSL6	8,508	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	ACSL6	10,247	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	ACSL6	97	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131450542:G:T	G	ACSL6	6,996	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	ACSL6	9,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450542:G:T	G	ACSL6	114	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451633:A:G	G	ACSL6	8,469	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	ACSL6	10,221	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	ACSL6	94	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451856:A: AAGAC	A	ACSL6	111	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131452423:C:T	T	ACSL6	8,396	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	ACSL6	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	ACSL6	94	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457028:A:G	A	ACSL6	8,172	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457028:A:G	A	ACSL6	9,307	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	ACSL6	99	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457162:A:G	G	ACSL6	6,828	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	ACSL6	8,969	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	ACSL6	109	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457797:C:G	G	ACSL6	7,036	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	ACSL6	9,322	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	ACSL6	106	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458274:A:T	A	ACSL6	7,980	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458274:A:T	A	ACSL6	9,307	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	ACSL6	97	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458866:A:C	C	ACSL6	8,503	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	ACSL6	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	ACSL6	97	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131459348:C:T	T	ACSL6	7,033	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459348:C:T	T	ACSL6	9,920	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459348:C:T	T	ACSL6	104	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131459372:C:T	T	ACSL6	8,792	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	ACSL6	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	ACSL6	92	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131460597:A:G	A	ACSL6	6,961	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131460597:A:G	A	ACSL6	9,920	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131460597:A:G	A	ACSL6	104	1,81E-09	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461341:C:T	T	ACSL6	7,017	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131461341:C:T	T	ACSL6	9,905	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461341:C:T	T	ACSL6	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461414:G:T	G	ACSL6	8,450	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	ACSL6	10,213	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	ACSL6	99	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461720:A:T	A	ACSL6	6,975	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461720:A:T	A	ACSL6	9,905	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	A	ACSL6	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461896:C:T	C	ACSL6	6,736	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	ACSL6	8,913	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	ACSL6	113	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131464524:A:G	G	ACSL6	8,252	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131464524:A:G	G	ACSL6	97	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131465688:C:T	T	ACSL6	6,883	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	ACSL6	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131468507:A:G	A	ACSL6	6,898	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131468507:A:G	A	ACSL6	104	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131469004:C:T	T	ACSL6	7,145	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	ACSL6	107	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131469802:A:C	C	ACSL6	6,713	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	ACSL6	113	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131470185:T:TAA	TAA	ACSL6	107	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131471874:C:G	G	ACSL6	7,294	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131471874:C:G	G	ACSL6	107	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131472366:C:T	T	ACSL6	7,208	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472366:C:T	T	ACSL6	104	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131472553:C:T	T	ACSL6	7,518	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472553:C:T	T	ACSL6	107	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131473650:C:T	C	ACSL6	7,047	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	ACSL6	112	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131478034:C:T	C	ACSL6	7,076	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	ACSL6	114	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131479631:A:G	A	ACSL6	7,167	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	ACSL6	121	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131480931:A:G	A	ACSL6	7,212	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	ACSL6	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131482099:A:T	A	ACSL6	8,523	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482099:A:T	A	ACSL6	93	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131482244:A:T	T	ACSL6	7,317	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	ACSL6	109	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131485506:C:G	G	ACSL6	7,203	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131485506:C:G	G	ACSL6	114	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131486313:A:AAAGAG	AAAGAG	ACSL6	100	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131486895:A:T	A	ACSL6	7,079	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	ACSL6	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131487806:A:T	T	ACSL6	8,985	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131487806:A:T	T	ACSL6	99	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131488863:A:G	A	ACSL6	7,085	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	ACSL6	103	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131490049:A:T	T	ACSL6	7,289	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	ACSL6	114	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131490113:C:G	G	ACSL6	7,316	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490113:C:G	G	ACSL6	114	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood

5:131491850:A:G	A	ACSL6	7,318	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131491850:A:G	A	ACSL6	107	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492527:C:T	C	ACSL6	7,292	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492527:C:T	C	ACSL6	104	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492616:A:G	A	ACSL6	7,289	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492616:A:G	A	ACSL6	104	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492723:A:C	A	ACSL6	7,329	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492723:A:C	A	ACSL6	104	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131500700:C:T	T	ACSL6	7,559	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	ACSL6	105	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131501134:C:T	C	ACSL6	7,037	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	ACSL6	107	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131501905:C:T	C	ACSL6	6,896	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	ACSL6	113	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131502503:C:T	T	ACSL6	7,000	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	ACSL6	103	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131503195:C:T	T	ACSL6	8,980	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	ACSL6	7,141	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	ACSL6	110	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131505047:A:ACT	ACT	ACSL6	106	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131507072:A:G	G	ACSL6	6,790	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	ACSL6	113	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131509271:A:G	G	ACSL6	6,642	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	ACSL6	120	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131511141:A:T	T	ACSL6	7,028	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131511141:A:T	T	ACSL6	109	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131512046:C:T	T	ACSL6	7,966	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	ACSL6	6,986	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	ACSL6	104	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131513712:A:G	G	ACSL6	7,899	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	ACSL6	94	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131515413:C:T	T	ACSL6	6,826	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	ACSL6	109	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131515730:C:T	T	ACSL6	6,821	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	ACSL6	109	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131517482:C:T	T	ACSL6	6,542	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	ACSL6	108	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131518843:C:T	C	ACSL6	6,596	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	ACSL6	113	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131519540:A:G	A	ACSL6	6,662	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	ACSL6	113	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131523012:C:G	G	ACSL6	8,267	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	ACSL6	101	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131523776:C:CCTGA	C	ACSL6	118	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131525881:C:T	C	ACSL6	6,968	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525881:C:T	C	ACSL6	118	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131525883:C:T	T	ACSL6	6,547	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525883:C:T	T	ACSL6	118	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131526736:C:T	C	ACSL6	6,779	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	ACSL6	117	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527012:C:T	T	ACSL6	6,882	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527012:C:T	T	ACSL6	110	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527247:T:TG	TG	ACSL6	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood

5:131527321:C:T	T	<i>ACSL6</i>	6,936	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527321:C:T	T	<i>ACSL6</i>	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527714:C:T	T	<i>ACSL6</i>	6,820	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527714:C:T	T	<i>ACSL6</i>	118	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131539025:C:T	C	<i>ACSL6</i>	6,838	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131539025:C:T	C	<i>ACSL6</i>	115	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131540053:C:T	T	<i>ACSL6</i>	6,762	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540053:C:T	T	<i>ACSL6</i>	115	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131540875:G:T	T	<i>ACSL6</i>	6,847	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540875:G:T	T	<i>ACSL6</i>	108	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131543766:A:G	A	<i>ACSL6</i>	6,395	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	<i>ACSL6</i>	110	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131545168:C:T	T	<i>ACSL6</i>	6,680	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131545168:C:T	T	<i>ACSL6</i>	111	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131548938:A:G	A	<i>ACSL6</i>	6,648	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131548938:A:G	A	<i>ACSL6</i>	114	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131550442:C:T	T	<i>ACSL6</i>	6,831	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131550442:C:T	T	<i>ACSL6</i>	115	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131383667:A:C	C	<i>CDC42SE2</i>	5,701	6,42E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396332:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	6,285	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396478:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	6,280	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131404446:A:T	T	<i>CDC42SE2</i>	6,158	1,32E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131405027:C:T	C	<i>CDC42SE2</i>	5,988	1,96E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407044:A:G	G	<i>CDC42SE2</i>	5,599	10,846	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407139:A:T	A	<i>CDC42SE2</i>	5,544	12,721	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131413721:A:G	A	<i>CDC42SE2</i>	5,155	80,851	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131415066:C:G	C	<i>CDC42SE2</i>	4,702	745,744	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131422512:A:C	C	<i>CDC42SE2</i>	4,652	945,277	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442305:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	4,406	2,975,157	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>CDC42SE2</i>	4,285	4,982,636	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	G	<i>CDC42SE2</i>	5,369	31,486	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449029:G:T	G	<i>CDC42SE2</i>	5,438	22,122	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	<i>CDC42SE2</i>	5,406	27,767	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	<i>CDC42SE2</i>	5,418	26,518	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	5,290	40,123	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	<i>CDC42SE2</i>	5,388	28,998	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	5,447	20,235	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	<i>CDC42SE2</i>	5,374	30,231	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	4,285	4,982,636	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472553:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	4,454	2,380,214	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	<i>CDC42SE2</i>	4,297	4,773,692	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	<i>CDC42SE2</i>	4,298	4,739,479	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	4,530	168,245	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503195:C:T	T	<i>CDC42SE2</i>	4,573	1,395,251	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	<i>CDC42SE2</i>	4,986	198,178	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396332:C:T	T	<i>FNIP1</i>	61	70,645	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396478:C:T	T	<i>FNIP1</i>	63	70,645	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131404446:A:T	T	<i>FNIP1</i>	57	70,645	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131405027:C:T	C	<i>FNIP1</i>	57	70,645	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131383667:A:C	A	<i>HINT1</i>	222	295,876	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
5:131396332:C:T	C	<i>HINT1</i>	221	25,426	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
5:131396478:C:T	C	<i>HINT1</i>	222	189,917	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16

5:131404446:A:T	A	<i>HINT1</i>	215	488,112	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
5:131405027:C:T	T	<i>HINT1</i>	215	485,806	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
5:131383667:A:C	C	<i>LYRM7</i>	-6,792	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396332:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-6,819	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396478:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-6,931	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131404446:A:T	T	<i>LYRM7</i>	-7,129	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131405027:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-6,968	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407044:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-7,088	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407139:A:T	A	<i>LYRM7</i>	-7,240	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131413721:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-4,360	3,622,794	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131415066:C:G	C	<i>LYRM7</i>	-7,422	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131422512:A:C	C	<i>LYRM7</i>	-7,303	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131438810:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,329	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439161:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,397	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439336:A:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,540	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131440620:G:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,447	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131441500:C:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,491	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442305:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,323	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>LYRM7</i>	-6,450	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131445660:A:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,458	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,134	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449029:G:T	G	<i>LYRM7</i>	-7,975	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,386	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,186	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	<i>LYRM7</i>	-8,126	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,127	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,167	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457028:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,444	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,904	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,704	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458274:A:T	A	<i>LYRM7</i>	-8,621	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	<i>LYRM7</i>	-8,155	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459348:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,540	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,264	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131460597:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,467	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461341:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,436	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	<i>LYRM7</i>	-8,140	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461720:A:T	A	<i>LYRM7</i>	-8,478	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-8,756	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131464524:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,566	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,264	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131468507:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,371	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,782	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	<i>LYRM7</i>	-8,659	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131471874:C:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,434	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472366:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,466	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472553:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,269	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-8,706	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-8,091	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,221	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-7,843	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482099:A:T	A	<i>LYRM7</i>	-8,341	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,369	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131485506:C:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,269	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	<i>LYRM7</i>	-8,258	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131487806:A:T	T	<i>LYRM7</i>	-5,843	3,23E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,708	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,305	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490113:C:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,308	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131491850:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,415	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492527:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-8,402	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492616:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,406	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492723:A:C	A	<i>LYRM7</i>	-8,326	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,190	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-8,594	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-8,458	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,594	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503195:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-5,515	14,605	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-6,350	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,624	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,422	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131511141:A:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,420	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512046:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-5,997	1,96E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,411	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,467	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,739	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,728	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	<i>LYRM7</i>	-8,814	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	<i>LYRM7</i>	-8,208	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	<i>LYRM7</i>	-8,413	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	<i>LYRM7</i>	-8,022	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	<i>MIR3936</i>	4,406	297,278	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	<i>MIR3936</i>	4,587	1,297,545	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	<i>MIR3936</i>	4,468	2,246,701	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	<i>MIR3936</i>	4,614	1,144,201	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	<i>MIR3936</i>	4,453	2,393,938	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	<i>MIR3936</i>	4,490	2,032,642	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482099:A:T	A	<i>MIR3936</i>	4,408	2,943,414	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	<i>MIR3936</i>	4,506	1,881,769	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	<i>MIR3936</i>	4,427	270,666	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	<i>MIR3936</i>	4,440	2,549,172	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	<i>MIR3936</i>	4,432	2,625,781	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	<i>MIR3936</i>	4,436	2,592,769	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	<i>MIR3936</i>	4,436	2,592,769	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	<i>MIR3936</i>	4,607	1,175,655	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	<i>MIR3936</i>	4,599	1,219,439	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	<i>MIR3936</i>	4,478	214,563	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	<i>MIR3936</i>	4,503	1,912,169	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	<i>MIR3936</i>	4,594	1,248,194	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131548938:A:G	A	<i>MIR3936</i>	4,521	175,632	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131383667:A:C	A	<i>P4HA2</i>	-130	427,233	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131383667:A:C	A	<i>P4HA2</i>	-133	2,83E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131383667:A:C	A	<i>P4HA2</i>	-146	186,235	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131383667:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-4,544	1,578	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131383667:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-262	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131383667:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-196	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131396332:C:T	C	<i>P4HA2</i>	-128	460,119	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

5:131396332:C:T	C	P4HA2	-131	2,94E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131396332:C:T	C	P4HA2	-146	175,748	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131396332:C:T	T	P4HA2	-297	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131396332:C:T	T	P4HA2	-196	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131396478:C:T	C	P4HA2	-131	249,835	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131396478:C:T	C	P4HA2	-133	1,75E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131396478:C:T	C	P4HA2	-147	131,766	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131396478:C:T	T	P4HA2	-222	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131396478:C:T	T	P4HA2	-194	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131404446:A:T	A	P4HA2	-144	15,168	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131404446:A:T	A	P4HA2	-135	9,53E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131404446:A:T	A	P4HA2	-155	107,316	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131404446:A:T	A	P4HA2	-140	14,221	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131404446:A:T	A	P4HA2	-155	411,742	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131404446:A:T	T	P4HA2	-253	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131404446:A:T	T	P4HA2	-174	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131405027:C:T	T	P4HA2	-145	14,066	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131405027:C:T	T	P4HA2	-136	8,48E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131405027:C:T	T	P4HA2	-156	102,094	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131405027:C:T	T	P4HA2	-140	12,733	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131405027:C:T	T	P4HA2	-155	401,214	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131405027:C:T	C	P4HA2	-253	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131405027:C:T	C	P4HA2	-174	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131407044:A:G	A	P4HA2	-137	101,878	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131407044:A:G	A	P4HA2	-132	4,70E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131407044:A:G	A	P4HA2	-154	171,458	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131407044:A:G	A	P4HA2	-138	247,671	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131407044:A:G	A	P4HA2	-155	437,418	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131407044:A:G	G	P4HA2	-4,401	3,028,106	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407044:A:G	G	P4HA2	-261	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131407044:A:G	G	P4HA2	-210	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131407139:A:T	T	P4HA2	-141	72,216	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131407139:A:T	T	P4HA2	-137	1,62E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131407139:A:T	T	P4HA2	-162	859,095	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131407139:A:T	T	P4HA2	-141	236,521	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131407139:A:T	T	P4HA2	-162	230,433	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131407139:A:T	A	P4HA2	-4,900	300,747	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407139:A:T	A	P4HA2	-274	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131407139:A:T	A	P4HA2	-202	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131413721:A:G	G	P4HA2	-173	53,856	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131413721:A:G	A	P4HA2	-5,255	50,692	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131413721:A:G	A	P4HA2	-5,471	4,55E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131413721:A:G	A	P4HA2	-185	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131414390:T:TG	T	P4HA2	-137	205,128	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131414390:T:TG	T	P4HA2	-126	4,88E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131414390:T:TG	T	P4HA2	-158	166,612	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_IFN24
5:131414390:T:TG	T	P4HA2	-142	298,082	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131414390:T:TG	T	P4HA2	-159	297,154	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131414390:T:TG	TG	P4HA2	-297	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131414390:T:TG	TG	P4HA2	-205	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131415066:C:G	G	P4HA2	-136	286,455	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131415066:C:G	G	P4HA2	-122	22,415	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131415066:C:G	G	P4HA2	-159	180,902	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131415066:C:G	G	P4HA2	-139	435,367	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24

5:131415066:C:G	G	P4HA2	-156	729,575	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131415066:C:G	C	P4HA2	-5,182	71,055	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131415066:C:G	C	P4HA2	-4,437	628,652	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131415066:C:G	C	P4HA2	-298	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131415066:C:G	C	P4HA2	-205	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131422512:A:C	A	P4HA2	-136	288,303	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131422512:A:C	A	P4HA2	-122	20,257	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131422512:A:C	A	P4HA2	-160	168,495	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131422512:A:C	A	P4HA2	-139	432,409	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131422512:A:C	A	P4HA2	-156	7,362	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131422512:A:C	C	P4HA2	-5,248	51,927	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131422512:A:C	C	P4HA2	-4,429	650,367	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131422512:A:C	C	P4HA2	-298	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131422512:A:C	C	P4HA2	-205	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131434930:C:CT	C	P4HA2	-128	23,665	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131434930:C:CT	C	P4HA2	-183	234,282	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131434930:C:CT	C	P4HA2	-160	619,045	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131434930:C:CT	CT	P4HA2	-309	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131434930:C:CT	CT	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131438810:C:T	C	P4HA2	-123	15,095	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131438810:C:T	C	P4HA2	-185	206,874	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131438810:C:T	C	P4HA2	-159	889,505	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131438810:C:T	T	P4HA2	-5,615	10,215	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131438810:C:T	T	P4HA2	-4,536	40,698	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131438810:C:T	T	P4HA2	-271	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131438810:C:T	T	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131439161:C:T	C	P4HA2	-123	149,129	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131439161:C:T	C	P4HA2	-186	202,733	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131439161:C:T	C	P4HA2	-159	88,208	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131439161:C:T	T	P4HA2	-5,638	9,59E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439161:C:T	T	P4HA2	-4,564	354,225	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439161:C:T	T	P4HA2	-271	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131439161:C:T	T	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131439336:A:T	A	P4HA2	-123	147,972	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131439336:A:T	A	P4HA2	-186	201,411	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131439336:A:T	A	P4HA2	-159	87,811	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131439336:A:T	T	P4HA2	-5,596	10,845	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439336:A:T	T	P4HA2	-4,564	354,225	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439336:A:T	T	P4HA2	-271	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131439336:A:T	T	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131439636:A:C	A	P4HA2	-124	101,638	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131439636:A:C	A	P4HA2	-187	117,694	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131439636:A:C	A	P4HA2	-161	493,875	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131440620:G:T	G	P4HA2	-123	141,933	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131440620:G:T	G	P4HA2	-186	186,926	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131440620:G:T	G	P4HA2	-160	85,035	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131440620:G:T	T	P4HA2	-5,154	80,841	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131440620:G:T	T	P4HA2	-4,593	309,325	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131440620:G:T	T	P4HA2	-282	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131440620:G:T	T	P4HA2	-241	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131441500:C:G	C	P4HA2	-123	139,254	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131441500:C:G	C	P4HA2	-186	181,406	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131441500:C:G	C	P4HA2	-160	83,966	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131441500:C:G	G	P4HA2	-5,219	61,212	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131441500:C:G	G	P4HA2	-4.593	309,325	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131441500:C:G	G	P4HA2	-284	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131441500:C:G	G	P4HA2	-205	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131442305:C:T	C	P4HA2	-125	5,639	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131442305:C:T	C	P4HA2	-181	261,942	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442305:C:T	C	P4HA2	-155	109,437	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442305:C:T	T	P4HA2	-4,570	1,407,706	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442305:C:T	T	P4HA2	-4,295	1,134,812	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442305:C:T	T	P4HA2	-260	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131442305:C:T	T	P4HA2	-191	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131442463:A:C	A	P4HA2	-130	7,92E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131442463:A:C	A	P4HA2	-179	270,078	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442463:A:C	A	P4HA2	-157	7,489	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442463:A:C	C	P4HA2	-4,457	577,421	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442463:A:C	C	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131442463:A:C	C	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131442689:A:G	A	P4HA2	-148	6,75E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131442689:A:G	A	P4HA2	-207	146,613	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_IFN24
5:131442689:A:G	A	P4HA2	-177	780,915	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442689:A:G	G	P4HA2	-4,452	586,569	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442694:A:C	A	P4HA2	-148	6,75E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131442694:A:C	A	P4HA2	-207	146,451	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_IFN24
5:131442694:A:C	A	P4HA2	-177	78,067	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442705:C:T	T	P4HA2	-148	6,75E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131442705:C:T	T	P4HA2	-207	146,274	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442705:C:T	T	P4HA2	-177	78,223	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442715:G:T	G	P4HA2	-148	6,74E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131442715:G:T	G	P4HA2	-207	146,116	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131442715:G:T	G	P4HA2	-177	7,809	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131445660:A:T	A	P4HA2	-124	128,099	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131445660:A:T	A	P4HA2	-187	157,044	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_IFN24
5:131445660:A:T	A	P4HA2	-160	80,167	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131445660:A:T	T	P4HA2	-5,210	62,414	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131445660:A:T	T	P4HA2	-4,564	354,723	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131445660:A:T	T	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131445660:A:T	T	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131445915:T:TA	T	P4HA2	-130	103,642	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131448757:A:G	A	P4HA2	-130	7,26E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131448757:A:G	A	P4HA2	-180	231,071	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131448757:A:G	A	P4HA2	-156	72,578	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131448757:A:G	G	P4HA2	-4,427	2,699,083	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	G	P4HA2	-4,457	577,421	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131448757:A:G	G	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131448757:A:G	G	P4HA2	-211	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131449029:G:T	T	P4HA2	-130	7,27E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131449029:G:T	T	P4HA2	-180	230,494	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131449029:G:T	T	P4HA2	-156	725,745	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131449029:G:T	G	P4HA2	-4,690	788,088	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449029:G:T	G	P4HA2	-4,457	577,421	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	P4HA2	-261	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131449029:G:T	G	P4HA2	-209	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131449049:C:T	C	P4HA2	-123	125,933	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131449049:C:T	C	P4HA2	-187	15,156	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131449049:C:T	C	P4HA2	-160	80,514	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24

5:131449049:C:T	T	P4HA2	-5,388	28,998	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	P4HA2	-4,603	299,203	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449049:C:T	T	P4HA2	-330	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131449049:C:T	T	P4HA2	-234	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131450063:A:G	A	P4HA2	-130	7,26E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131450063:A:G	A	P4HA2	-180	231,199	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131450063:A:G	A	P4HA2	-156	727,005	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131450063:A:G	G	P4HA2	-4,362	3,599,739	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	P4HA2	-4,410	708,715	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131450063:A:G	G	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131450542:G:T	T	P4HA2	-123	126,039	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131450542:G:T	T	P4HA2	-187	151,624	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131450542:G:T	T	P4HA2	-160	804,155	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131450542:G:T	G	P4HA2	-5,769	5,15E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	P4HA2	-4,603	299,203	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450542:G:T	G	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131450542:G:T	G	P4HA2	-233	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131451633:A:G	A	P4HA2	-130	7,79E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131451633:A:G	A	P4HA2	-180	242,422	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131451633:A:G	A	P4HA2	-156	75,754	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131451633:A:G	G	P4HA2	-4,603	1,195,855	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	P4HA2	-4,553	371,475	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	P4HA2	-261	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131451633:A:G	G	P4HA2	-210	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131451856:A:AAGAC	AAGAC	P4HA2	-123	125,938	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_LPS24
5:131451856:A:AAGAC	AAGAC	P4HA2	-187	151,711	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131451856:A:AAGAC	AAGAC	P4HA2	-160	80,669	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Lymphoblastoid cell lines
5:131451856:A:AAGAC	A	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131451856:A:AAGAC	A	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131452423:C:T	C	P4HA2	-131	7,01E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131452423:C:T	C	P4HA2	-180	229,168	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131452423:C:T	C	P4HA2	-157	7,027	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131452423:C:T	T	P4HA2	-4,560	1,477,232	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	P4HA2	-4,457	577,421	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	P4HA2	-261	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131452423:C:T	T	P4HA2	-210	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131457028:A:G	G	P4HA2	-125	20,142	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131457028:A:G	G	P4HA2	-181	117,918	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131457028:A:G	G	P4HA2	-158	375,744	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131457028:A:G	A	P4HA2	-4,861	352,625	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457028:A:G	A	P4HA2	-5,536	4,59E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131457028:A:G	A	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131457162:A:G	A	P4HA2	-117	327,825	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131457162:A:G	A	P4HA2	-188	78,463	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131457162:A:G	A	P4HA2	-161	423,043	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131457162:A:G	G	P4HA2	-5,709	6,42E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	P4HA2	-5,684	2,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	P4HA2	-282	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131457162:A:G	G	P4HA2	-239	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131457797:C:G	C	P4HA2	-119	135,551	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

5:131457797:C:G	C	P4HA2	-183	11,435	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131457797:C:G	C	P4HA2	-157	55,062	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131457797:C:G	G	P4HA2	-4,947	238,855	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	P4HA2	-5,399	6,19E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	P4HA2	-256	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131457797:C:G	G	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131458274:A:T	T	P4HA2	-125	20,136	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131458274:A:T	T	P4HA2	-181	118,121	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131458274:A:T	T	P4HA2	-158	376,442	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131458274:A:T	A	P4HA2	-4,728	664,036	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458274:A:T	A	P4HA2	-5,536	4,59E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131458274:A:T	A	P4HA2	-210	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131458866:A:C	A	P4HA2	-130	7,26E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131458866:A:C	A	P4HA2	-180	230,994	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131458866:A:C	A	P4HA2	-156	727,215	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131458866:A:C	C	P4HA2	-4,363	3,591,445	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	P4HA2	-4,471	536,038	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131458866:A:C	C	P4HA2	-211	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131459348:C:T	C	P4HA2	-123	125,868	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131459348:C:T	C	P4HA2	-187	151,485	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131459348:C:T	C	P4HA2	-160	80,586	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131459348:C:T	T	P4HA2	-5,135	93,748	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459348:C:T	T	P4HA2	-4,603	297,759	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459348:C:T	T	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131459348:C:T	T	P4HA2	-228	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131459372:C:T	C	P4HA2	-131	7,17E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131459372:C:T	C	P4HA2	-180	232,306	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131459372:C:T	C	P4HA2	-156	729,905	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131459372:C:T	T	P4HA2	-4,541	1,598,297	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	P4HA2	-4,471	536,038	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	P4HA2	-260	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131459372:C:T	T	P4HA2	-210	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131460597:A:G	G	P4HA2	-123	125,988	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131460597:A:G	G	P4HA2	-187	151,529	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131460597:A:G	G	P4HA2	-160	805,555	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131460597:A:G	A	P4HA2	-5,209	62,406	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131460597:A:G	A	P4HA2	-4,618	281,003	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131460597:A:G	A	P4HA2	-286	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131460597:A:G	A	P4HA2	-204	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131461341:C:T	C	P4HA2	-123	125,988	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131461341:C:T	C	P4HA2	-187	151,529	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461341:C:T	C	P4HA2	-160	805,555	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461341:C:T	T	P4HA2	-5,246	52,553	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461341:C:T	T	P4HA2	-4,632	263,556	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461341:C:T	T	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131461341:C:T	T	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131461414:G:T	T	P4HA2	-130	7,26E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131461414:G:T	T	P4HA2	-180	231,353	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461414:G:T	T	P4HA2	-156	727,675	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461414:G:T	G	P4HA2	-4,392	3,158,957	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	P4HA2	-4,471	536,038	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta

5:131461414:G:T	G	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131461720:A:T	T	P4HA2	-123	125,988	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131461720:A:T	T	P4HA2	-187	151,529	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461720:A:T	T	P4HA2	-160	805,555	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461720:A:T	A	P4HA2	-5,271	45,107	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461720:A:T	A	P4HA2	-4,632	263,556	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	A	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131461720:A:T	A	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131461896:C:T	T	P4HA2	-117	328,391	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131461896:C:T	T	P4HA2	-188	78,493	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461896:C:T	T	P4HA2	-161	422,449	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131461896:C:T	C	P4HA2	-6,143	1,32E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	P4HA2	-5,722	2,35E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131461896:C:T	C	P4HA2	-231	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131464524:A:G	A	P4HA2	-125	20,157	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131464524:A:G	A	P4HA2	-181	11,849	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131464524:A:G	A	P4HA2	-158	377,976	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131464524:A:G	G	P4HA2	-5,044	148,221	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131464524:A:G	G	P4HA2	-5,536	4,59E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131464524:A:G	G	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131464524:A:G	G	P4HA2	-210	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131465688:C:T	C	P4HA2	-123	125,932	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131465688:C:T	C	P4HA2	-187	151,333	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131465688:C:T	C	P4HA2	-160	804,365	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131465688:C:T	T	P4HA2	-5,319	35,169	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	P4HA2	-4,646	249,533	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131465688:C:T	T	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131465688:C:T	T	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131467000:A:AAT	AAT	P4HA2	-125	126,189	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131467000:A:AAT	AAT	P4HA2	-189	166,728	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131467000:A:AAT	AAT	P4HA2	-165	540,405	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131468507:A:G	G	P4HA2	-123	125,846	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131468507:A:G	G	P4HA2	-187	151,522	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131468507:A:G	G	P4HA2	-160	805,575	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131468507:A:G	A	P4HA2	-5,179	72,288	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131468507:A:G	A	P4HA2	-4,646	249,533	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131468507:A:G	A	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131468507:A:G	A	P4HA2	-228	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131469004:C:T	C	P4HA2	-119	135,889	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131469004:C:T	C	P4HA2	-183	113,885	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131469004:C:T	C	P4HA2	-157	54,966	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131469004:C:T	T	P4HA2	-4,854	36,709	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	P4HA2	-5,330	8,37E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	T	P4HA2	-256	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131469004:C:T	T	P4HA2	-216	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131469802:A:C	A	P4HA2	-117	328,648	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131469802:A:C	A	P4HA2	-188	785	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131469802:A:C	A	P4HA2	-161	422,514	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131469802:A:C	C	P4HA2	-6,144	1,32E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	P4HA2	-5,736	1,77E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469802:A:C	C	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131469802:A:C	C	P4HA2	-231	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131470185:T:TAA	T	P4HA2	-117	327,997	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

5:131470185:T:TAA	T	P4HA2	-188	78,422	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131470185:T:TAA	T	P4HA2	-161	422,537	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131470185:T:TAA	TAA	P4HA2	-285	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131470185:T:TAA	TAA	P4HA2	-210	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131471874:C:G	C	P4HA2	-123	125,815	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131471874:C:G	C	P4HA2	-187	151,425	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131471874:C:G	C	P4HA2	-160	804,925	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131471874:C:G	G	P4HA2	-4,890	313,992	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131471874:C:G	G	P4HA2	-4,646	249,533	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131471874:C:G	G	P4HA2	-271	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131471874:C:G	G	P4HA2	-228	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131472366:C:T	C	P4HA2	-123	125,803	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131472366:C:T	C	P4HA2	-187	151,563	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131472366:C:T	C	P4HA2	-160	805,465	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131472366:C:T	T	P4HA2	-5,153	81,463	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472366:C:T	T	P4HA2	-4,646	249,533	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472366:C:T	T	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131472366:C:T	T	P4HA2	-228	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131472553:C:T	C	P4HA2	-125	5,145	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131472553:C:T	C	P4HA2	-181	221,108	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131472553:C:T	C	P4HA2	-155	104,753	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131472553:C:T	T	P4HA2	-4,417	2,821,794	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472553:C:T	T	P4HA2	-4,310	1,065,893	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	P4HA2	-256	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131472553:C:T	T	P4HA2	-218	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131473650:C:T	T	P4HA2	-117	325,877	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131473650:C:T	T	P4HA2	-188	78,828	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131473650:C:T	T	P4HA2	-161	425,191	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131473650:C:T	C	P4HA2	-5,734	5,79E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	P4HA2	-5,698	2,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131473650:C:T	C	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131473650:C:T	C	P4HA2	-211	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131478034:C:T	T	P4HA2	-124	126,246	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131478034:C:T	T	P4HA2	-187	152,446	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131478034:C:T	T	P4HA2	-160	811,905	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131478034:C:T	C	P4HA2	-5,717	5,78E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	P4HA2	-4,674	220,756	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131478034:C:T	C	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131478034:C:T	C	P4HA2	-233	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131479631:A:G	G	P4HA2	-124	126,673	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131479631:A:G	G	P4HA2	-187	154,198	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131479631:A:G	G	P4HA2	-160	81,984	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131479631:A:G	A	P4HA2	-5,368	32,114	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	P4HA2	-4,674	220,756	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131479631:A:G	A	P4HA2	-330	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131479631:A:G	A	P4HA2	-235	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131480931:A:G	G	P4HA2	-124	121,396	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131480931:A:G	G	P4HA2	-187	155,386	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131480931:A:G	G	P4HA2	-160	82,443	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131480931:A:G	A	P4HA2	-5,462	18,364	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131480931:A:G	A	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131480931:A:G	A	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131482099:A:T	T	P4HA2	-125	19,551	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

5:131482099:A:T	T	P4HA2	-181	12,212	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131482099:A:T	T	P4HA2	-158	389,021	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131482099:A:T	A	P4HA2	-4,859	355,069	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482099:A:T	A	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131482099:A:T	A	P4HA2	-208	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131482244:A:T	A	P4HA2	-124	121,556	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131482244:A:T	A	P4HA2	-187	156,283	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131482244:A:T	A	P4HA2	-160	830,895	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131482244:A:T	T	P4HA2	-5,206	63,647	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482244:A:T	T	P4HA2	-282	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131482244:A:T	T	P4HA2	-240	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131485506:C:G	C	P4HA2	-124	127,749	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131485506:C:G	C	P4HA2	-187	156,181	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131485506:C:G	C	P4HA2	-160	82,949	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131485506:C:G	G	P4HA2	-5,692	6,42E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131485506:C:G	G	P4HA2	-4,660	237,866	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131485506:C:G	G	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131485506:C:G	G	P4HA2	-234	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131486313:A:AAAGAG	A	P4HA2	-125	18,917	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131486313:A:AAAGAG	A	P4HA2	-181	123,597	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131486313:A:AAAGAG	A	P4HA2	-158	393,082	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131486313:A:AAAGAG	AAAGAG	P4HA2	-249	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131486313:A:AAAGAG	AAAGAG	P4HA2	-208	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131486895:A:T	T	P4HA2	-124	119,603	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131486895:A:T	T	P4HA2	-187	157,597	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131486895:A:T	T	P4HA2	-160	839,475	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131486895:A:T	A	P4HA2	-5,549	12,725	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131486895:A:T	A	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131486895:A:T	A	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131487806:A:T	A	P4HA2	-125	18,739	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131487806:A:T	A	P4HA2	-181	123,859	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131487806:A:T	A	P4HA2	-158	393,648	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131487806:A:T	T	P4HA2	-5,536	4,59E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	T	P4HA2	-255	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131487806:A:T	T	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131488863:A:G	G	P4HA2	-118	309,385	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131488863:A:G	G	P4HA2	-188	81,802	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131488863:A:G	G	P4HA2	-161	440,911	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131488863:A:G	A	P4HA2	-5,703	6,42E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	P4HA2	-5,736	1,77E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131488863:A:G	A	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131488863:A:G	A	P4HA2	-227	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131490049:A:T	A	P4HA2	-124	115,664	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131490049:A:T	A	P4HA2	-187	158,748	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131490049:A:T	A	P4HA2	-160	841,585	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131490049:A:T	T	P4HA2	-5,369	30,856	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490049:A:T	T	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131490049:A:T	T	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131490113:C:G	C	P4HA2	-124	115,609	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

5:131490113:C:G	C	P4HA2	-187	159,046	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131490113:C:G	C	P4HA2	-160	84,274	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131490113:C:G	G	P4HA2	-5,350	33,348	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490113:C:G	G	P4HA2	-4.632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490113:C:G	G	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131490113:C:G	G	P4HA2	-214	2,12E-31	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131491850:A:G	G	P4HA2	-124	116,023	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131491850:A:G	G	P4HA2	-187	159,955	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131491850:A:G	G	P4HA2	-160	850,165	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131491850:A:G	A	P4HA2	-4,894	306,779	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131491850:A:G	A	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131491850:A:G	A	P4HA2	-271	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131491850:A:G	A	P4HA2	-228	2,12E-31	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131492527:C:T	T	P4HA2	-124	115,982	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131492527:C:T	T	P4HA2	-187	159,621	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131492527:C:T	T	P4HA2	-160	845,265	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131492527:C:T	C	P4HA2	-5,139	91,931	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492527:C:T	C	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492527:C:T	C	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131492527:C:T	C	P4HA2	-227	2,12E-31	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131492616:A:G	G	P4HA2	-124	116,008	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131492616:A:G	G	P4HA2	-187	159,839	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131492616:A:G	G	P4HA2	-160	845,995	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131492616:A:G	A	P4HA2	-5,201	65,502	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492616:A:G	A	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492616:A:G	A	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131492616:A:G	A	P4HA2	-227	2,12E-31	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131492723:A:C	C	P4HA2	-124	116,008	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131492723:A:C	C	P4HA2	-187	159,839	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131492723:A:C	C	P4HA2	-160	845,995	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131492723:A:C	A	P4HA2	-5,189	69,215	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492723:A:C	A	P4HA2	-4,594	308,824	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492723:A:C	A	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131492723:A:C	A	P4HA2	-227	2,12E-31	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131500700:C:T	C	P4HA2	-126	45,199	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131500700:C:T	C	P4HA2	-181	234,885	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131500700:C:T	C	P4HA2	-155	110,937	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131500700:C:T	T	P4HA2	-4,432	2,628,759	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	P4HA2	-4,310	1,065,893	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131500700:C:T	T	P4HA2	-256	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131500700:C:T	T	P4HA2	-216	2,12E-31	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131501134:C:T	T	P4HA2	-118	29,124	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131501134:C:T	T	P4HA2	-188	83,155	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131501134:C:T	T	P4HA2	-161	444,816	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131501134:C:T	C	P4HA2	-5,478	16,483	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	P4HA2	-5,684	2,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501134:C:T	C	P4HA2	-271	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131501134:C:T	C	P4HA2	-225	2,12E-31	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131501905:C:T	T	P4HA2	-117	335,623	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131501905:C:T	T	P4HA2	-188	80,917	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131501905:C:T	T	P4HA2	-161	437,845	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131501905:C:T	C	P4HA2	-6,292	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	P4HA2	-5,722	2,35E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	C	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta

5:131501905:C:T	C	P4HA2	-231	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131502503:C:T	C	P4HA2	-118	282,149	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131502503:C:T	C	P4HA2	-189	77,478	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131502503:C:T	C	P4HA2	-161	42,629	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131502503:C:T	T	P4HA2	-5,780	4,51E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	P4HA2	-5,641	2,91E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131502503:C:T	T	P4HA2	-278	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131502503:C:T	T	P4HA2	-226	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131503195:C:CT	C	P4HA2	195	2,52E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131503195:C:CT	C	P4HA2	160	2,34E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131503195:C:CT	C	P4HA2	205	4,19E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131503195:C:CT	C	P4HA2	191	9,71E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131503195:C:CT	C	P4HA2	192	1,54E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131503195:C:CT	C	P4HA2	186	5,42E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131503195:C:T	C	P4HA2	-118	99,065	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131503195:C:T	C	P4HA2	-174	313,657	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131503195:C:T	C	P4HA2	-149	148,354	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131503340:A:G	G	P4HA2	-118	290,325	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131503340:A:G	G	P4HA2	-188	82,994	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131503340:A:G	G	P4HA2	-161	444,533	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131503340:A:G	A	P4HA2	-5,684	2,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131503340:A:G	A	P4HA2	-293	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131503340:A:G	A	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131505047:A: ACT	A	P4HA2	-120	118,051	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131505047:A: ACT	A	P4HA2	-183	120,981	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131505047:A: ACT	A	P4HA2	-157	57,917	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131505047:A: ACT	ACT	P4HA2	-256	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131505047:A: ACT	ACT	P4HA2	-213	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131507072:A:G	A	P4HA2	-117	334,606	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131507072:A:G	A	P4HA2	-188	81,132	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131507072:A:G	A	P4HA2	-161	439,055	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131507072:A:G	G	P4HA2	-5,938	2,60E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	P4HA2	-5,722	2,35E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131507072:A:G	G	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131507072:A:G	G	P4HA2	-231	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131509271:A:G	A	P4HA2	-117	3,339	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131509271:A:G	A	P4HA2	-188	81,266	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131509271:A:G	A	P4HA2	-161	438,524	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131509271:A:G	G	P4HA2	-5,754	5,80E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	P4HA2	-5,722	2,35E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131509271:A:G	G	P4HA2	-330	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131509271:A:G	G	P4HA2	-233	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131511141:A:T	A	P4HA2	-125	105,978	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131511141:A:T	A	P4HA2	-187	161,211	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131511141:A:T	A	P4HA2	-160	84,952	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131511141:A:T	T	P4HA2	-5,025	16,535	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131511141:A:T	T	P4HA2	-4,632	264,046	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131511141:A:T	T	P4HA2	-282	3,06E-21	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131511141:A:T	T	P4HA2	-240	2,12E-31	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131511399:T:TA	TA	P4HA2	-118	277,056	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131511399:T:TA	TA	P4HA2	-188	82,184	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131511399:T:TA	TA	P4HA2	-161	440,431	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24

5:131512046:C:T	C	P4HA2	-125	105,049	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131512046:C:T	C	P4HA2	-187	160,722	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131512046:C:T	C	P4HA2	-160	845,765	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131512046:C:T	T	P4HA2	-4,404	726,727	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512046:C:T	T	P4HA2	-5,840	1,19E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512277:A:G	G	P4HA2	-125	104,764	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131512277:A:G	G	P4HA2	-187	160,531	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131512277:A:G	G	P4HA2	-160	84,552	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131512277:A:G	A	P4HA2	-5,014	172,031	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	P4HA2	-4,603	298,261	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512277:A:G	A	P4HA2	-281	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131512277:A:G	A	P4HA2	-228	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131513631:C:CT	CT	P4HA2	-125	101,647	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131513631:C:CT	CT	P4HA2	-187	171,393	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131513631:C:CT	CT	P4HA2	-160	88,473	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131513712:A:G	A	P4HA2	-130	161,187	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131513712:A:G	A	P4HA2	-134	1,54E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131513712:A:G	A	P4HA2	-186	5,168	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131513712:A:G	A	P4HA2	-163	143,162	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131513712:A:G	G	P4HA2	-5,128	96,208	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	P4HA2	-5,494	4,56E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	P4HA2	-262	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131513712:A:G	G	P4HA2	-212	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131515413:C:T	C	P4HA2	-125	483,024	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131515413:C:T	C	P4HA2	-128	14,233	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131515413:C:T	C	P4HA2	-188	45,932	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131515413:C:T	C	P4HA2	-162	198,609	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131515413:C:T	T	P4HA2	-5,050	140,236	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	P4HA2	-5,355	6,72E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	T	P4HA2	-300	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131515413:C:T	T	P4HA2	-234	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131515730:C:T	C	P4HA2	-125	499,086	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131515730:C:T	C	P4HA2	-128	14,427	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131515730:C:T	C	P4HA2	-188	45,922	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131515730:C:T	C	P4HA2	-162	198,819	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131515730:C:T	T	P4HA2	-5,031	158,015	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	P4HA2	-5,370	6,17E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	P4HA2	-300	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131515730:C:T	T	P4HA2	-234	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131517482:C:T	C	P4HA2	-126	36,456	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131517482:C:T	C	P4HA2	-193	30,986	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131517482:C:T	C	P4HA2	-167	149,586	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131517482:C:T	T	P4HA2	-5,562	11,461	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	P4HA2	-5,651	2,33E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131517482:C:T	T	P4HA2	-334	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131517482:C:T	T	P4HA2	-258	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131518843:C:T	T	P4HA2	-133	12,561	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131518843:C:T	T	P4HA2	-192	60,551	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131518843:C:T	T	P4HA2	-165	288,748	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131518843:C:T	C	P4HA2	-5,226	56,875	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	P4HA2	-4,546	385,876	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131518843:C:T	C	P4HA2	-337	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131518843:C:T	C	P4HA2	-237	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131519540:A:G	G	P4HA2	-132	12,591	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

5:131519540:A:G	G	P4HA2	-192	60,608	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131519540:A:G	G	P4HA2	-165	288,929	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131519540:A:G	A	P4HA2	-5,147	87,638	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	P4HA2	-4,590	315,658	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131519540:A:G	A	P4HA2	-337	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131519540:A:G	A	P4HA2	-238	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131523012:C:G	C	P4HA2	-131	7,10E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131523012:C:G	C	P4HA2	-180	236,157	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131523012:C:G	C	P4HA2	-156	740,015	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131523012:C:G	G	P4HA2	-4,560	1,473,627	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	P4HA2	-4,470	538,382	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523012:C:G	G	P4HA2	-289	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131523012:C:G	G	P4HA2	-231	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131523776:C: CCTGA	CCTGA	P4HA2	-124	126,865	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131523776:C: CCTGA	CCTGA	P4HA2	-187	15,343	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131523776:C: CCTGA	CCTGA	P4HA2	-160	817,585	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131523776:C: CCTGA	C	P4HA2	-334	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131523776:C: CCTGA	C	P4HA2	-238	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131525881:C:T	T	P4HA2	-123	12,622	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131525881:C:T	T	P4HA2	-187	153,057	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131525881:C:T	T	P4HA2	-160	81,389	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131525881:C:T	C	P4HA2	-5,346	33,335	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525881:C:T	C	P4HA2	-334	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131525881:C:T	C	P4HA2	-237	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131525883:C:T	C	P4HA2	-123	126,275	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131525883:C:T	C	P4HA2	-187	153,108	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131525883:C:T	C	P4HA2	-160	813,815	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131525883:C:T	T	P4HA2	-4,930	261,414	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525883:C:T	T	P4HA2	-334	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131525883:C:T	T	P4HA2	-237	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131526736:C:T	T	P4HA2	-117	328,342	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131526736:C:T	T	P4HA2	-188	78,865	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131526736:C:T	T	P4HA2	-161	425,209	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131526736:C:T	C	P4HA2	-5,807	4,52E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	P4HA2	-5,636	2,90E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131526736:C:T	C	P4HA2	-334	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131526736:C:T	C	P4HA2	-235	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131527012:C:T	C	P4HA2	-123	125,724	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131527012:C:T	C	P4HA2	-187	15,176	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527012:C:T	C	P4HA2	-160	8,072	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527012:C:T	T	P4HA2	-4,560	361,908	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527012:C:T	T	P4HA2	-324	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131527012:C:T	T	P4HA2	-225	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131527247:T:TG	T	P4HA2	-118	311,221	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131527247:T:TG	T	P4HA2	-189	74,206	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527247:T:TG	T	P4HA2	-162	395,403	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527247:T:TG	TG	P4HA2	-320	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131527247:T:TG	TG	P4HA2	-223	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131527321:C:T	C	P4HA2	-125	5,145	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131527321:C:T	C	P4HA2	-181	221,108	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527321:C:T	C	P4HA2	-155	104,753	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527321:C:T	T	P4HA2	-4,672	867,304	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131527321:C:T	T	P4HA2	-4,290	1,154,502	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	P4HA2	-300	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131527321:C:T	T	P4HA2	-238	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131527714:C:T	C	P4HA2	-123	125,809	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131527714:C:T	C	P4HA2	-187	15,159	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527714:C:T	C	P4HA2	-160	80,614	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131527714:C:T	T	P4HA2	-5,343	33,327	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527714:C:T	T	P4HA2	-4,560	361,908	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527714:C:T	T	P4HA2	-334	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131527714:C:T	T	P4HA2	-237	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131539025:C:T	T	P4HA2	-123	125,694	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131539025:C:T	T	P4HA2	-187	151,392	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131539025:C:T	T	P4HA2	-160	804,055	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131539025:C:T	C	P4HA2	-5,357	3,335	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131539025:C:T	C	P4HA2	-4,545	386,831	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131539025:C:T	C	P4HA2	-330	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131539025:C:T	C	P4HA2	-234	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131540053:C:T	C	P4HA2	-123	125,712	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131540053:C:T	C	P4HA2	-187	151,317	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131540053:C:T	C	P4HA2	-160	804,465	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131540053:C:T	T	P4HA2	-5,423	23,999	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540053:C:T	T	P4HA2	-4,580	328,139	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540053:C:T	T	P4HA2	-330	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131540053:C:T	T	P4HA2	-234	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131540875:G:T	G	P4HA2	-123	125,932	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131540875:G:T	G	P4HA2	-187	151,333	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131540875:G:T	G	P4HA2	-160	804,365	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131540875:G:T	T	P4HA2	-5,696	6,42E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540875:G:T	T	P4HA2	-4,545	386,831	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540875:G:T	T	P4HA2	-333	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131540875:G:T	T	P4HA2	-232	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131543766:A:G	G	P4HA2	-127	34,113	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131543766:A:G	G	P4HA2	-195	22,511	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131543766:A:G	G	P4HA2	-170	91,197	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131543766:A:G	A	P4HA2	-5,762	5,80E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	P4HA2	-5,612	3,47E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131543766:A:G	A	P4HA2	-332	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131543766:A:G	A	P4HA2	-232	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131545168:C:T	C	P4HA2	-133	1,178	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131545168:C:T	C	P4HA2	-195	37,692	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131545168:C:T	C	P4HA2	-171	127,193	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131545168:C:T	T	P4HA2	-5,318	35,167	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131545168:C:T	T	P4HA2	-4,546	385,876	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131545168:C:T	T	P4HA2	-332	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131545168:C:T	T	P4HA2	-233	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131548938:A:G	G	P4HA2	-119	279,581	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131548938:A:G	G	P4HA2	-196	2,963	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131548938:A:G	G	P4HA2	-171	105,166	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131548938:A:G	A	P4HA2	-5,813	4,52E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131548938:A:G	A	P4HA2	-5,673	2,33E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131548938:A:G	A	P4HA2	-330	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131548938:A:G	A	P4HA2	-232	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131550442:C:T	C	P4HA2	-126	100,771	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131550442:C:T	C	P4HA2	-197	4,987	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24

5:131550442:C:T	C	<i>P4HA2</i>	-171	18,902	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131550442:C:T	T	<i>P4HA2</i>	-5,422	24,627	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131550442:C:T	T	<i>P4HA2</i>	-4,607	292,967	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131550442:C:T	T	<i>P4HA2</i>	-330	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131550442:C:T	T	<i>P4HA2</i>	-234	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131512046:C:T	T	<i>P4HA2-AS1</i>	-4,404	726,727	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	<i>RAD50</i>	4,432	2,633,522	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,365	3,566,815	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	<i>RAD50</i>	4,414	285,077	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	<i>RAD50</i>	4,341	395,386	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,389	3,203,348	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	<i>RAD50</i>	4,373	3,448,358	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	<i>RAD50</i>	4,478	214,563	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	<i>RAD50</i>	4,957	226,225	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131485506:C:G	G	<i>RAD50</i>	4,447	2,465,255	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	<i>RAD50</i>	4,495	1,985,285	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	<i>RAD50</i>	4,338	4,005,914	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512046:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,588	1,291,604	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	<i>RAD50</i>	4,527	1,709,509	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,495	1,983,491	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,531	1,675,258	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,513	1,819,652	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	<i>RAD50</i>	4,641	998,068	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	<i>RAD50</i>	4,667	885,732	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	<i>RAD50</i>	4,348	3,842,055	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525881:C:T	C	<i>RAD50</i>	4,554	1,515,879	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525883:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,421	2,782,769	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	<i>RAD50</i>	4,409	293,044	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527321:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,467	2,257,448	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527714:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,530	1,679,453	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131539025:C:T	C	<i>RAD50</i>	4,571	1,400,661	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540053:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,582	1,330,766	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540875:G:T	T	<i>RAD50</i>	4,543	1,584,598	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	<i>RAD50</i>	4,947	238,855	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131545168:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,935	257,166	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131548938:A:G	A	<i>RAD50</i>	4,431	2,640,352	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131550442:C:T	T	<i>RAD50</i>	4,566	1,438,443	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131383667:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	14,747	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131383667:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	75	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131383667:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	166	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131396332:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	14,616	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396332:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	76	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396332:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	184	11,106	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131396332:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	174	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131396478:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	14,413	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396478:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	80	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396478:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	162	11,106	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131396478:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	133	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131404446:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	14,898	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131404446:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131404446:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131405027:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	14,910	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131405027:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131405027:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial

5:131407044:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	13,689	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407044:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	146	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131407139:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	13,824	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407139:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	76	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407139:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	164	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131413721:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	8,887	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131413721:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	239	11,106	GTEX/v8	Artery_Aorta	Blood
5:131413721:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	216	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131414390:T:TG	TG	<i>RAPGEF6</i>	158	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131415066:C:G	C	<i>RAPGEF6</i>	12,970	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131415066:C:G	C	<i>RAPGEF6</i>	151	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131422512:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	12,941	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131422512:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	147	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131434930:C:CT	CT	<i>RAPGEF6</i>	146	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131438810:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,818	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131438810:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131438810:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	124	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131439161:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,775	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439161:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131439161:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	124	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131439336:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,876	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439336:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131439336:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	124	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131440620:G:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,162	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131440620:G:T	T	<i>RAPGEF6</i>	84	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131440620:G:T	T	<i>RAPGEF6</i>	134	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131441500:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,110	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131441500:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	85	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131441500:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	118	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131442305:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,489	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442305:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	9,715	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	104	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131445660:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,138	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131445660:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131445660:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	133	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131448757:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,847	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131448757:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	106	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131449029:G:T	G	<i>RAPGEF6</i>	10,827	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449029:G:T	G	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131449029:G:T	G	<i>RAPGEF6</i>	114	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131449049:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,163	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	74	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131449049:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	138	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131450063:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,842	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131450542:G:T	G	<i>RAPGEF6</i>	9,883	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	<i>RAPGEF6</i>	154	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131451633:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,936	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451633:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	112	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Blood

5:131451856:A: AAGAC	A	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451856:A: AAGAC	A	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131452423:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,683	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131452423:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	112	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131457028:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,740	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457028:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457028:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	105	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131457162:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,157	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	84	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457162:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	135	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131457797:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,516	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458274:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	10,602	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458274:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458274:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	105	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131458866:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	10,807	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458866:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	106	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131459348:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,106	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459348:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131459348:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	120	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131459372:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,547	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131460597:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,090	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131460597:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	84	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131460597:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	117	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131461341:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,116	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461341:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461341:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131461414:G:T	G	<i>RAPGEF6</i>	10,825	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461720:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	10,114	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461720:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131461720:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	133	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131461896:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	10,105	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	155	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131464524:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,829	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131464524:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131464524:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	105	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131465688:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,032	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131465688:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131468507:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,015	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131468507:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131468507:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	120	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131469004:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,407	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131469802:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	10,032	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	<i>RAPGEF6</i>	155	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131470185:T:TAA	TAA	<i>RAPGEF6</i>	80	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131470185:T:TAA	TAA	<i>RAPGEF6</i>	130	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131471874:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,010	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131471874:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131471874:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	109	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131472366:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,052	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472366:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131472366:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	120	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131472553:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,419	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472553:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131473650:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	10,079	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131473650:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	132	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131478034:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	10,007	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	154	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131479631:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,158	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	74	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131479631:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	136	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131480931:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,342	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131480931:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131482099:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	10,844	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482099:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131482099:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	105	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131482244:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,177	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	84	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131482244:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	136	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131485506:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,099	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131485506:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	152	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131486313:A:AAAGAG	AAAGAG	<i>RAPGEF6</i>	77	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131486895:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	10,312	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131486895:A:T	A	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131487806:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,307	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131487806:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131487806:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	105	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131488863:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,361	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131488863:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	121	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131490049:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,134	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131490049:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	134	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131490113:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,161	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490113:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131490113:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131491850:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,094	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131491850:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131491850:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	109	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131492527:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	10,078	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492527:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492527:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	122	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131492616:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	10,113	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492616:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131492616:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	122	5,69E-08	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131492723:A:C	A	<i>RAPGEF6</i>	10,138	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492723:A:C	A	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood

5:131492723:A:C	A	<i>RAPGEF6</i>	122	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131500700:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,512	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	84	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131501134:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	10,076	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	83	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131501134:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	113	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131501905:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	10,082	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	155	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131502503:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,105	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131502503:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	123	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131503195:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,149	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	9,121	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	81	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131503340:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	131	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131505047:A: ACT	ACT	<i>RAPGEF6</i>	82	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131507072:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	9,678	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	155	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131509271:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	9,692	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	73	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131509271:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	137	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131511141:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,674	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131511141:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	84	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131511141:A:T	T	<i>RAPGEF6</i>	136	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131512046:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,044	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	9,719	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	87	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131512277:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	120	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131513712:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,210	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	80	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131513712:A:G	G	<i>RAPGEF6</i>	113	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131515413:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,143	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	70	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131515413:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	116	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131515730:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	10,103	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	70	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131515730:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	116	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131517482:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,695	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	148	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131518843:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	9,503	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	144	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131519540:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	9,538	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	142	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131523012:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	10,534	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	72	1,27E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131523012:C:G	G	<i>RAPGEF6</i>	109	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131523776:C: CCTGA	C	<i>RAPGEF6</i>	134	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131525881:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	9,484	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525881:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	136	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131525883:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	8,714	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525883:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	136	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131526736:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	9,587	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	137	5,69E-08	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial

5:131527012:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	5,077	120,042	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527012:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	119	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131527247:T:TG	TG	<i>RAPGEF6</i>	119	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131527321:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,926	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527321:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	70	1,27E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527321:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	106	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131527714:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,568	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527714:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	136	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131539025:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	9,570	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131539025:C:T	C	<i>RAPGEF6</i>	142	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131540053:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,469	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540053:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	142	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131540875:G:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,413	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540875:G:T	T	<i>RAPGEF6</i>	158	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131543766:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	9,524	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	151	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131545168:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,446	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131545168:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	151	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131548938:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	9,624	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131548938:A:G	A	<i>RAPGEF6</i>	143	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131550442:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	9,549	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131550442:C:T	T	<i>RAPGEF6</i>	142	5,69E-08	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131383667:A:C	C	<i>SLC22A4</i>	16,425	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396332:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	16,376	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396478:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	16,490	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131404446:A:T	T	<i>SLC22A4</i>	16,736	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131405027:C:T	C	<i>SLC22A4</i>	16,756	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131405027:C:T	C	<i>SLC22A4</i>	5,835	1,19E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131407044:A:G	G	<i>SLC22A4</i>	13,969	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407044:A:G	G	<i>SLC22A4</i>	5,164	17,443	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131407139:A:T	A	<i>SLC22A4</i>	14,250	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407139:A:T	A	<i>SLC22A4</i>	4,794	134,381	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131415066:C:G	C	<i>SLC22A4</i>	14,494	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131415066:C:G	C	<i>SLC22A4</i>	4,757	15,357	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131415066:C:G	C	<i>SLC22A4</i>	7,469	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131422512:A:C	C	<i>SLC22A4</i>	14,552	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131422512:A:C	C	<i>SLC22A4</i>	4,743	164,556	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131422512:A:C	C	<i>SLC22A4</i>	7,473	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131438810:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	12,099	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131438810:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	6,636	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439161:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	12,117	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439161:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	6,640	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131439336:A:T	T	<i>SLC22A4</i>	12,196	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439336:A:T	T	<i>SLC22A4</i>	6,644	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131440620:G:T	T	<i>SLC22A4</i>	12,277	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131440620:G:T	T	<i>SLC22A4</i>	6,648	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131441500:C:G	G	<i>SLC22A4</i>	12,378	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131441500:C:G	G	<i>SLC22A4</i>	6,648	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442305:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	15,092	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442305:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	4,812	124,397	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442305:C:T	T	<i>SLC22A4</i>	7,602	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>SLC22A4</i>	13,235	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>SLC22A4</i>	5,056	30,053	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442463:A:C	C	<i>SLC22A4</i>	7,919	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131442689:A:G	G	SLC22A4	5,878	3,24E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442689:A:G	G	SLC22A4	5,079	26,912	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131442689:A:G	G	SLC22A4	7,956	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131445660:A:T	T	SLC22A4	12,287	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131445660:A:T	T	SLC22A4	6,666	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131448757:A:G	G	SLC22A4	16,779	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	G	SLC22A4	5,045	32,678	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131448757:A:G	G	SLC22A4	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	SLC22A4	16,653	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449029:G:T	G	SLC22A4	5,045	32,678	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449029:G:T	G	SLC22A4	7,937	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131449049:C:T	T	SLC22A4	12,268	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	SLC22A4	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	SLC22A4	16,734	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	SLC22A4	5,052	31,111	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450063:A:G	G	SLC22A4	7,948	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131450542:G:T	G	SLC22A4	11,759	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	SLC22A4	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	SLC22A4	16,675	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	SLC22A4	5,003	46,831	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131451633:A:G	G	SLC22A4	7,872	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	SLC22A4	16,924	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	SLC22A4	5,045	32,678	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131452423:C:T	T	SLC22A4	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	SLC22A4	17,219	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457028:A:G	A	SLC22A4	4,802	131,463	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457028:A:G	A	SLC22A4	7,537	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	SLC22A4	12,791	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	SLC22A4	6,314	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	SLC22A4	15,583	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	SLC22A4	4,541	399,365	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	SLC22A4	7,232	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	SLC22A4	17,522	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458274:A:T	A	SLC22A4	4,802	131,463	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	SLC22A4	7,537	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	SLC22A4	16,779	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	SLC22A4	5,031	37,417	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	SLC22A4	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459348:C:T	T	SLC22A4	12,403	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459348:C:T	T	SLC22A4	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	SLC22A4	17,081	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	SLC22A4	5,031	37,417	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	SLC22A4	7,923	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131460597:A:G	A	SLC22A4	12,414	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131460597:A:G	A	SLC22A4	6,695	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461341:C:T	T	SLC22A4	12,332	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461341:C:T	T	SLC22A4	6,695	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	SLC22A4	16,804	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	SLC22A4	5,031	37,417	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	G	SLC22A4	7,908	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	A	SLC22A4	12,296	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461720:A:T	A	SLC22A4	6,680	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	SLC22A4	12,629	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	SLC22A4	6,328	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131464524:A:G	G	SLC22A4	17,290	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131464524:A:G	G	SLC22A4	4,802	131,463	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131464524:A:G	G	SLC22A4	7,537	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131465688:C:T	T	SLC22A4	12,314	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131467000:AAT: AATAT	AAT	SLC22A4	346	62,516	eQTLcatalogue	Kasela_2017_T-cell_CD4	T-Cells_CD4
5:131468507:A:G	A	SLC22A4	12,401	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131468507:A:G	A	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	T	SLC22A4	15,425	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	SLC22A4	4,541	399,365	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	T	SLC22A4	7,204	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469802:A:C	C	SLC22A4	12,373	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	SLC22A4	6,342	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131471874:C:G	G	SLC22A4	12,247	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131471874:C:G	G	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472366:C:T	T	SLC22A4	12,140	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472366:C:T	T	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	SLC22A4	14,882	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472553:C:T	T	SLC22A4	4,783	136,223	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	SLC22A4	7,573	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131473650:C:T	C	SLC22A4	12,662	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	SLC22A4	6,342	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131478034:C:T	C	SLC22A4	11,900	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131479631:A:G	A	SLC22A4	12,059	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131480931:A:G	A	SLC22A4	11,400	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482099:A:T	A	SLC22A4	16,850	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	SLC22A4	12,076	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131485506:C:G	G	SLC22A4	11,913	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131485506:C:G	G	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131486313:A: AAAGAG	AAAGAG	SLC22A4	-173	6,72E-07	GTEX/v8	Artery_Aorta	Aorta
5:131486895:A:T	A	SLC22A4	11,705	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	T	SLC22A4	14,892	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131487806:A:T	T	SLC22A4	4,787	136,258	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	T	SLC22A4	7,551	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131488863:A:G	A	SLC22A4	11,664	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	SLC22A4	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490049:A:T	T	SLC22A4	12,060	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490113:C:G	G	SLC22A4	12,073	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490113:C:G	G	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131491850:A:G	A	SLC22A4	12,213	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131491850:A:G	A	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492527:C:T	C	SLC22A4	12,108	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492527:C:T	C	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492616:A:G	A	SLC22A4	12,107	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492616:A:G	A	SLC22A4	6,694	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492723:A:C	A	SLC22A4	12,099	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492723:A:C	A	SLC22A4	6,661	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131500700:C:T	T	SLC22A4	14,825	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	SLC22A4	4,769	145,651	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131500700:C:T	T	SLC22A4	7,587	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501134:C:T	C	SLC22A4	12,615	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	SLC22A4	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	C	SLC22A4	12,260	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	SLC22A4	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131502503:C:T	T	SLC22A4	12,515	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	SLC22A4	6,300	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131503195:C:CT	C	SLC22A4	-67	43,717	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes
5:131503195:C:CT	C	SLC22A4	-74	334,414	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131503195:C:CT	C	SLC22A4	-81	2,86E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131503195:C:CT	C	SLC22A4	-70	7,01E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte
5:131503195:C:T	T	SLC22A4	13,896	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	SLC22A4	11,794	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	SLC22A4	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131507072:A:G	G	SLC22A4	12,523	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	SLC22A4	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131509271:A:G	G	SLC22A4	12,666	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	SLC22A4	6,357	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131511141:A:T	T	SLC22A4	12,257	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131511141:A:T	T	SLC22A4	6,709	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512046:C:T	T	SLC22A4	10,149	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	SLC22A4	12,353	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	SLC22A4	6,709	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	SLC22A4	17,525	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	SLC22A4	4,969	56,153	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	SLC22A4	7,693	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	T	SLC22A4	15,894	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	SLC22A4	4,688	20,791	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	T	SLC22A4	7,388	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	SLC22A4	15,907	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	SLC22A4	4,688	20,791	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	SLC22A4	7,388	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131517482:C:T	T	SLC22A4	13,318	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	SLC22A4	6,512	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131518843:C:T	C	SLC22A4	12,816	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	SLC22A4	6,823	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131519540:A:G	A	SLC22A4	12,784	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	SLC22A4	6,756	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523012:C:G	G	SLC22A4	16,711	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	SLC22A4	4,951	63,398	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523012:C:G	G	SLC22A4	7,920	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525881:C:T	C	SLC22A4	12,349	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525881:C:T	C	SLC22A4	4,276	1,238,675	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525883:C:T	T	SLC22A4	12,306	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	SLC22A4	12,364	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	SLC22A4	6,373	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527012:C:T	T	SLC22A4	4,937	255,324	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527012:C:T	T	SLC22A4	6,697	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	SLC22A4	15,092	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527321:C:T	T	SLC22A4	4,647	249,545	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	SLC22A4	7,617	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527714:C:T	T	SLC22A4	12,348	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131527714:C:T	T	SLC22A4	6,697	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131539025:C:T	C	SLC22A4	12,201	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131539025:C:T	C	SLC22A4	6,711	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540053:C:T	T	SLC22A4	12,190	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540053:C:T	T	SLC22A4	6,760	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540875:G:T	T	SLC22A4	12,051	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540875:G:T	T	SLC22A4	6,726	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131543766:A:G	A	SLC22A4	13,214	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	SLC22A4	6,533	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131545168:C:T	T	SLC22A4	12,681	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131545168:C:T	T	SLC22A4	6,885	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131548938:A:G	A	SLC22A4	12,549	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131548938:A:G	A	SLC22A4	6,425	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131550442:C:T	T	SLC22A4	12,153	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131550442:C:T	T	SLC22A4	6,763	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131383667:A:C	A	SLC22A5	493	4,83E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131383667:A:C	A	SLC22A5	186	34,399	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131383667:A:C	A	SLC22A5	85	27,672	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131383667:A:C	A	SLC22A5	128	405,217	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131383667:A:C	A	SLC22A5	307	82,729	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131383667:A:C	A	SLC22A5	147	9,79E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131383667:A:C	A	SLC22A5	90	5,59E-06	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131383667:A:C	C	SLC22A5	36,375	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131383667:A:C	C	SLC22A5	238	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131383667:A:C	C	SLC22A5	186	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131396332:C:T	C	SLC22A5	497	4,48E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131396332:C:T	C	SLC22A5	184	64,311	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131396332:C:T	C	SLC22A5	84	321,964	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131396332:C:T	C	SLC22A5	125	623,095	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131396332:C:T	C	SLC22A5	300	152,928	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131396332:C:T	C	SLC22A5	142	36,126	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131396332:C:T	C	SLC22A5	90	3,91E-06	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131396332:C:T	T	SLC22A5	36,042	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396332:C:T	T	SLC22A5	255	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396332:C:T	T	SLC22A5	194	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131396478:C:T	C	SLC22A5	495	5,16E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131396478:C:T	C	SLC22A5	179	13,717	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131396478:C:T	C	SLC22A5	85	277,956	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131396478:C:T	C	SLC22A5	124	73,284	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131396478:C:T	C	SLC22A5	301	122,874	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131396478:C:T	C	SLC22A5	143	29,943	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131396478:C:T	C	SLC22A5	86	1,53E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131396478:C:T	T	SLC22A5	35,380	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131396478:C:T	T	SLC22A5	220	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131396478:C:T	T	SLC22A5	177	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131404446:A:T	A	SLC22A5	541	1,66E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131404446:A:T	A	SLC22A5	203	3,67E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131404446:A:T	A	SLC22A5	90	35,968	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131404446:A:T	A	SLC22A5	129	259,615	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131404446:A:T	A	SLC22A5	321	461,534	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131404446:A:T	A	SLC22A5	147	5,26E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

5:131404446:A:T	A	SLC22A5	94	7,08E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131404446:A:T	T	SLC22A5	36,179	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131404446:A:T	T	SLC22A5	207	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131404446:A:T	T	SLC22A5	180	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131405027:C:T	T	SLC22A5	541	1,66E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131405027:C:T	T	SLC22A5	203	3,68E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131405027:C:T	T	SLC22A5	90	37,963	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131405027:C:T	T	SLC22A5	129	248,436	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131405027:C:T	T	SLC22A5	321	462,337	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131405027:C:T	T	SLC22A5	147	5,26E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131405027:C:T	T	SLC22A5	94	7,08E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131405027:C:T	C	SLC22A5	36,206	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131405027:C:T	C	SLC22A5	207	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131405027:C:T	C	SLC22A5	180	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131407044:A:G	A	SLC22A5	544	2,92E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131407044:A:G	A	SLC22A5	201	10,871	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131407044:A:G	A	SLC22A5	90	85,446	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131407044:A:G	A	SLC22A5	120	222,875	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131407044:A:G	A	SLC22A5	325	621,715	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131407044:A:G	A	SLC22A5	149	9,13E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131407044:A:G	A	SLC22A5	94	1,66E-06	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131407044:A:G	G	SLC22A5	34,574	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407044:A:G	G	SLC22A5	229	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407044:A:G	G	SLC22A5	178	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131407139:A:T	T	SLC22A5	545	2,79E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131407139:A:T	T	SLC22A5	203	7,85E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131407139:A:T	T	SLC22A5	92	81,669	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131407139:A:T	T	SLC22A5	120	30,564	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131407139:A:T	T	SLC22A5	339	19,992	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131407139:A:T	T	SLC22A5	151	8,80E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131407139:A:T	T	SLC22A5	90	1,63E-05	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131407139:A:T	A	SLC22A5	34,977	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131407139:A:T	A	SLC22A5	225	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131407139:A:T	A	SLC22A5	184	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131413721:A:G	G	SLC22A5	113	16,655	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131413721:A:G	A	SLC22A5	21,873	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131414390:T:TG	T	SLC22A5	92	64,074	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131414390:T:TG	T	SLC22A5	126	101,017	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131414390:T:TG	T	SLC22A5	336	131,418	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131414390:T:TG	T	SLC22A5	150	6,60E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131414390:T:TG	TG	SLC22A5	225	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131415066:C:G	G	SLC22A5	557	9,08E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131415066:C:G	G	SLC22A5	212	6,20E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131415066:C:G	G	SLC22A5	93	74,756	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131415066:C:G	G	SLC22A5	124	173,555	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131415066:C:G	G	SLC22A5	336	136,654	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131415066:C:G	G	SLC22A5	151	6,51E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131415066:C:G	G	SLC22A5	98	1,15E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131415066:C:G	C	SLC22A5	35,983	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131415066:C:G	C	SLC22A5	213	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood

5:131422512:A:C	A	SLC22A5	557	9,08E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131422512:A:C	A	SLC22A5	212	6,21E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131422512:A:C	A	SLC22A5	93	69,608	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131422512:A:C	A	SLC22A5	124	17,705	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocyte_naive
5:131422512:A:C	A	SLC22A5	336	136,611	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131422512:A:C	A	SLC22A5	150	7,57E-05	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131422512:A:C	A	SLC22A5	98	1,15E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131422512:A:C	C	SLC22A5	35,878	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131422512:A:C	C	SLC22A5	208	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131434930:C:CT	C	SLC22A5	521	8,92E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131434930:C:CT	C	SLC22A5	206	4,07E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131434930:C:CT	C	SLC22A5	314	214,468	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131434930:C:CT	C	SLC22A5	142	147,067	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131434930:C:CT	CT	SLC22A5	184	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131438810:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte
5:131438810:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131438810:C:T	C	SLC22A5	85	489,858	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131438810:C:T	C	SLC22A5	345	437,771	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131438810:C:T	C	SLC22A5	129	275,077	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131438810:C:T	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131438810:C:T	T	SLC22A5	30,253	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439161:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131439161:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131439161:C:T	C	SLC22A5	86	478,363	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131439161:C:T	C	SLC22A5	344	444,656	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131439161:C:T	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131439161:C:T	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131439161:C:T	T	SLC22A5	30,326	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439336:A:T	A	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131439336:A:T	A	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131439336:A:T	A	SLC22A5	86	475,594	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131439336:A:T	A	SLC22A5	345	439,571	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131439336:A:T	A	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131439336:A:T	A	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131439336:A:T	T	SLC22A5	30,481	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131439636:A:C	A	SLC22A5	86	348,364	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131439636:A:C	A	SLC22A5	343	548,415	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131440620:G:T	G	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131440620:G:T	G	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131440620:G:T	G	SLC22A5	86	477,999	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131440620:G:T	G	SLC22A5	349	377,013	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131440620:G:T	G	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131440620:G:T	T	SLC22A5	31,113	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131440620:G:T	T	SLC22A5	181	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131441500:C:G	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131441500:C:G	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131441500:C:G	C	SLC22A5	86	417,566	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131441500:C:G	C	SLC22A5	340	8,527	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131441500:C:G	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

5:131441500:C:G	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131441500:C:G	G	SLC22A5	30,831	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442305:C:T	C	SLC22A5	85	397,225	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131442305:C:T	C	SLC22A5	327	118,595	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131442305:C:T	C	SLC22A5	109	5,62E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131442305:C:T	T	SLC22A5	31,809	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442463:A:C	A	SLC22A5	82	439,182	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131442463:A:C	A	SLC22A5	121	495,686	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131442463:A:C	A	SLC22A5	314	123,646	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131442463:A:C	A	SLC22A5	131	479,163	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131442463:A:C	A	SLC22A5	101	1,67E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131442463:A:C	C	SLC22A5	25,392	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442463:A:C	C	SLC22A5	175	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131442689:A:G	A	SLC22A5	356	114,386	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131442689:A:G	G	SLC22A5	8,872	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131442694:A:C	A	SLC22A5	356	114,304	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131442705:C:T	T	SLC22A5	356	114,231	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131442715:G:T	G	SLC22A5	356	114,191	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131445660:A:T	A	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocyte_naive
5:131445660:A:T	A	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131445660:A:T	A	SLC22A5	87	381,463	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131445660:A:T	A	SLC22A5	348	67,628	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131445660:A:T	A	SLC22A5	128	359,387	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131445660:A:T	A	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131445660:A:T	T	SLC22A5	30,960	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	A	SLC22A5	509	1,52E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131448757:A:G	A	SLC22A5	197	14,311	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131448757:A:G	A	SLC22A5	83	349,266	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131448757:A:G	A	SLC22A5	320	103,313	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131448757:A:G	A	SLC22A5	130	60,851	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131448757:A:G	A	SLC22A5	98	3,31E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131448757:A:G	G	SLC22A5	32,439	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131448757:A:G	G	SLC22A5	175	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131449029:G:T	T	SLC22A5	509	1,52E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131449029:G:T	T	SLC22A5	197	14,311	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131449029:G:T	T	SLC22A5	83	347,709	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131449029:G:T	T	SLC22A5	320	102,809	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131449029:G:T	T	SLC22A5	130	60,851	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131449029:G:T	T	SLC22A5	98	4,95E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131449029:G:T	G	SLC22A5	32,127	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449029:G:T	G	SLC22A5	175	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131449049:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131449049:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131449049:C:T	C	SLC22A5	87	359,142	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131449049:C:T	C	SLC22A5	349	64,582	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131449049:C:T	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131449049:C:T	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131449049:C:T	T	SLC22A5	31,199	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131449049:C:T	T	SLC22A5	185	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131450063:A:G	A	SLC22A5	83	349,297	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19

5:131450063:A:G	A	SLC22A5	320	103,175	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131450063:A:G	A	SLC22A5	123	297,648	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131450063:A:G	A	SLC22A5	98	3,31E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131450063:A:G	G	SLC22A5	32,421	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450063:A:G	G	SLC22A5	175	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131450542:G:T	T	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131450542:G:T	T	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131450542:G:T	T	SLC22A5	87	358,802	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131450542:G:T	T	SLC22A5	349	64,607	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131450542:G:T	T	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131450542:G:T	T	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131450542:G:T	G	SLC22A5	30,862	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131450542:G:T	G	SLC22A5	197	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451633:A:G	A	SLC22A5	512	1,13E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131451633:A:G	A	SLC22A5	192	3,454	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131451633:A:G	A	SLC22A5	83	370,349	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131451633:A:G	A	SLC22A5	320	11,022	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131451633:A:G	A	SLC22A5	132	536,495	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131451633:A:G	A	SLC22A5	98	3,31E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131451633:A:G	G	SLC22A5	32,212	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131451633:A:G	G	SLC22A5	175	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131451856:A:AAGAC	AAGAC	SLC22A5	87	359,281	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131451856:A:AAGAC	AAGAC	SLC22A5	349	64,582	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131451856:A:AAGAC	AAGAC	SLC22A5	127	485,387	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131452423:C:T	C	SLC22A5	512	1,09E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131452423:C:T	C	SLC22A5	193	28,879	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131452423:C:T	C	SLC22A5	83	343,822	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131452423:C:T	C	SLC22A5	320	101,981	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131452423:C:T	C	SLC22A5	130	60,851	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131452423:C:T	C	SLC22A5	98	3,31E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131452423:C:T	T	SLC22A5	31,813	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131452423:C:T	T	SLC22A5	175	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457028:A:G	G	SLC22A5	506	1,02E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131457028:A:G	G	SLC22A5	192	19,299	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131457028:A:G	G	SLC22A5	321	90,968	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131457028:A:G	G	SLC22A5	130	597,305	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131457028:A:G	G	SLC22A5	97	3,14E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131457028:A:G	A	SLC22A5	33,815	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457028:A:G	A	SLC22A5	6,837	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	A	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131457162:A:G	A	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131457162:A:G	A	SLC22A5	360	237,296	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131457162:A:G	A	SLC22A5	127	370,041	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131457162:A:G	A	SLC22A5	107	1,95E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131457162:A:G	G	SLC22A5	32,642	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457162:A:G	G	SLC22A5	6,784	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457162:A:G	G	SLC22A5	182	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131457797:C:G	C	SLC22A5	528	4,53E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes

5:131457797:C:G	C	SLC22A5	205	2,18E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131457797:C:G	C	SLC22A5	345	355,969	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131457797:C:G	C	SLC22A5	123	32,252	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131457797:C:G	C	SLC22A5	107	6,65E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131457797:C:G	G	SLC22A5	33,539	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131457797:C:G	G	SLC22A5	6,675	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131457797:C:G	G	SLC22A5	185	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458274:A:T	T	SLC22A5	506	1,02E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131458274:A:T	T	SLC22A5	192	19,333	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131458274:A:T	T	SLC22A5	321	90,614	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131458274:A:T	T	SLC22A5	130	597,305	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131458274:A:T	T	SLC22A5	97	3,14E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131458274:A:T	A	SLC22A5	33,816	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458274:A:T	A	SLC22A5	6,837	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458274:A:T	A	SLC22A5	178	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131458866:A:C	A	SLC22A5	509	1,52E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131458866:A:C	A	SLC22A5	197	14,311	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131458866:A:C	A	SLC22A5	83	348,435	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131458866:A:C	A	SLC22A5	320	102,723	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131458866:A:C	A	SLC22A5	128	993,365	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131458866:A:C	A	SLC22A5	98	3,31E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131458866:A:C	C	SLC22A5	32,446	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131458866:A:C	C	SLC22A5	6,620	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131458866:A:C	C	SLC22A5	175	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131459348:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131459348:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131459348:C:T	C	SLC22A5	87	326,467	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131459348:C:T	C	SLC22A5	360	264,109	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131459348:C:T	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131459348:C:T	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131459348:C:T	T	SLC22A5	30,963	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459348:C:T	T	SLC22A5	6,577	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	C	SLC22A5	83	349,105	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131459372:C:T	C	SLC22A5	321	10,006	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131459372:C:T	C	SLC22A5	130	60,851	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131459372:C:T	C	SLC22A5	98	3,31E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131459372:C:T	T	SLC22A5	31,466	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131459372:C:T	T	SLC22A5	6,620	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131459372:C:T	T	SLC22A5	181	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131460597:A:G	G	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131460597:A:G	G	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131460597:A:G	G	SLC22A5	87	326,375	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131460597:A:G	G	SLC22A5	349	647,445	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131460597:A:G	G	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131460597:A:G	G	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131460597:A:G	A	SLC22A5	30,871	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131460597:A:G	A	SLC22A5	6,577	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461341:C:T	C	SLC22A5	87	358,767	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131461341:C:T	C	SLC22A5	349	64,719	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131461341:C:T	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

5:131461341:C:T	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131461341:C:T	T	SLC22A5	30,965	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461341:C:T	T	SLC22A5	6,577	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461414:G:T	T	SLC22A5	509	1,52E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131461414:G:T	T	SLC22A5	197	14,351	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131461414:G:T	T	SLC22A5	83	348,576	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131461414:G:T	T	SLC22A5	320	103,339	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131461414:G:T	T	SLC22A5	130	60,851	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131461414:G:T	T	SLC22A5	98	3,31E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131461414:G:T	G	SLC22A5	32,475	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461414:G:T	G	SLC22A5	6,620	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461720:A:T	T	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131461720:A:T	T	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131461720:A:T	T	SLC22A5	87	358,767	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131461720:A:T	T	SLC22A5	349	646,805	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131461720:A:T	T	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131461720:A:T	T	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131461720:A:T	A	SLC22A5	30,935	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461720:A:T	A	SLC22A5	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	T	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131461896:C:T	T	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131461896:C:T	T	SLC22A5	349	58,405	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131461896:C:T	T	SLC22A5	131	20,628	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131461896:C:T	T	SLC22A5	107	1,95E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131461896:C:T	C	SLC22A5	32,720	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131461896:C:T	C	SLC22A5	6,854	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131461896:C:T	C	SLC22A5	198	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131464524:A:G	A	SLC22A5	506	1,02E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131464524:A:G	A	SLC22A5	192	19,231	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131464524:A:G	A	SLC22A5	321	90,472	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131464524:A:G	A	SLC22A5	133	374,616	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131464524:A:G	A	SLC22A5	97	3,14E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131464524:A:G	G	SLC22A5	34,173	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131464524:A:G	G	SLC22A5	6,837	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131464524:A:G	G	SLC22A5	178	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131465688:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131465688:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131465688:C:T	C	SLC22A5	87	358,158	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131465688:C:T	C	SLC22A5	349	64,607	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131465688:C:T	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131465688:C:T	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131465688:C:T	T	SLC22A5	30,849	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131465688:C:T	T	SLC22A5	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131467000:A:AAT	AAT	SLC22A5	352	808,365	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131468507:A:G	G	SLC22A5	519	2,77E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131468507:A:G	G	SLC22A5	207	3,77E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131468507:A:G	G	SLC22A5	87	325,833	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131468507:A:G	G	SLC22A5	360	263,511	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131468507:A:G	G	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

5:131468507:A:G	G	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131468507:A:G	A	SLC22A5	30,845	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131468507:A:G	A	SLC22A5	15,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131468507:A:G	A	SLC22A5	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	C	SLC22A5	528	4,53E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131469004:C:T	C	SLC22A5	205	2,18E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131469004:C:T	C	SLC22A5	345	358,646	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131469004:C:T	C	SLC22A5	138	144,719	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131469004:C:T	C	SLC22A5	107	6,65E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131469004:C:T	T	SLC22A5	32,881	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469004:C:T	T	SLC22A5	16,351	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	T	SLC22A5	6,702	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469004:C:T	T	SLC22A5	180	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131469802:A:C	A	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131469802:A:C	A	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131469802:A:C	A	SLC22A5	349	584,115	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131469802:A:C	A	SLC22A5	128	302,776	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131469802:A:C	A	SLC22A5	107	1,95E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131469802:A:C	C	SLC22A5	32,661	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131469802:A:C	C	SLC22A5	16,325	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469802:A:C	C	SLC22A5	6,869	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131469802:A:C	C	SLC22A5	198	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131470185:T:TAA	T	SLC22A5	349	584,805	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131470185:T:TAA	T	SLC22A5	128	302,776	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131470185:T:TAA	TAA	SLC22A5	177	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131471874:C:G	C	SLC22A5	519	2,69E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131471874:C:G	C	SLC22A5	207	3,54E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131471874:C:G	C	SLC22A5	87	325,833	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131471874:C:G	C	SLC22A5	360	265,778	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131471874:C:G	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131471874:C:G	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131471874:C:G	G	SLC22A5	31,189	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131471874:C:G	G	SLC22A5	15,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131471874:C:G	G	SLC22A5	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472366:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131472366:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131472366:C:T	C	SLC22A5	87	325,833	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131472366:C:T	C	SLC22A5	360	264,084	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131472366:C:T	C	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131472366:C:T	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131472366:C:T	T	SLC22A5	30,957	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131472366:C:T	T	SLC22A5	15,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472366:C:T	T	SLC22A5	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	C	SLC22A5	533	6,58E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131472553:C:T	C	SLC22A5	211	1,48E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131472553:C:T	C	SLC22A5	86	312,308	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131472553:C:T	C	SLC22A5	345	395,546	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131472553:C:T	C	SLC22A5	123	32,213	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131472553:C:T	C	SLC22A5	109	5,62E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131472553:C:T	T	SLC22A5	31,979	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131472553:C:T	T	SLC22A5	15,565	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	SLC22A5	6,453	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131472553:C:T	T	SLC22A5	178	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131473650:C:T	T	SLC22A5	517	2,73E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131473650:C:T	T	SLC22A5	205	5,09E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131473650:C:T	T	SLC22A5	349	58,457	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131473650:C:T	T	SLC22A5	128	302,776	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131473650:C:T	C	SLC22A5	32,677	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131473650:C:T	C	SLC22A5	16,346	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131473650:C:T	C	SLC22A5	6,798	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131478034:C:T	T	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131478034:C:T	T	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131478034:C:T	T	SLC22A5	87	357,818	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131478034:C:T	T	SLC22A5	349	65,021	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131478034:C:T	T	SLC22A5	130	248,509	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131478034:C:T	T	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131478034:C:T	C	SLC22A5	31,065	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131478034:C:T	C	SLC22A5	15,570	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131478034:C:T	C	SLC22A5	6,651	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131478034:C:T	C	SLC22A5	197	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131479631:A:G	G	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131479631:A:G	G	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131479631:A:G	G	SLC22A5	87	357,732	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131479631:A:G	G	SLC22A5	349	651,485	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131479631:A:G	G	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131479631:A:G	G	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131479631:A:G	A	SLC22A5	31,234	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131479631:A:G	A	SLC22A5	15,585	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131479631:A:G	A	SLC22A5	6,651	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131479631:A:G	A	SLC22A5	185	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131480931:A:G	G	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131480931:A:G	G	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131480931:A:G	G	SLC22A5	87	363,774	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131480931:A:G	G	SLC22A5	349	64,893	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131480931:A:G	G	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131480931:A:G	G	SLC22A5	109	2,20E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131480931:A:G	A	SLC22A5	32,136	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131480931:A:G	A	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131480931:A:G	A	SLC22A5	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482099:A:T	T	SLC22A5	506	1,02E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131482099:A:T	T	SLC22A5	192	19,333	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131482099:A:T	T	SLC22A5	321	917,495	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131482099:A:T	T	SLC22A5	138	129,491	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131482099:A:T	T	SLC22A5	97	3,14E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131482099:A:T	A	SLC22A5	33,971	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482099:A:T	A	SLC22A5	179	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131482244:A:T	A	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131482244:A:T	A	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131482244:A:T	A	SLC22A5	87	367,246	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131482244:A:T	A	SLC22A5	360	265,143	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell

5:131482244:A:T	A	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131482244:A:T	A	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131482244:A:T	T	SLC22A5	31,084	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131482244:A:T	T	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482244:A:T	T	SLC22A5	6,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131482244:A:T	T	SLC22A5	181	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131485506:C:G	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131485506:C:G	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131485506:C:G	C	SLC22A5	87	360,077	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131485506:C:G	C	SLC22A5	349	652,065	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131485506:C:G	C	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131485506:C:G	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131485506:C:G	G	SLC22A5	31,163	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131485506:C:G	G	SLC22A5	15,585	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131485506:C:G	G	SLC22A5	6,666	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131485506:C:G	G	SLC22A5	197	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131486313:A:AAAGAG	A	SLC22A5	321	942,315	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131486313:A:AAAGAG	A	SLC22A5	138	145,548	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131486895:A:T	T	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131486895:A:T	T	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131486895:A:T	T	SLC22A5	87	372,094	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131486895:A:T	T	SLC22A5	349	650,695	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131486895:A:T	T	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131486895:A:T	T	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131486895:A:T	A	SLC22A5	31,833	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131486895:A:T	A	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131486895:A:T	A	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	A	SLC22A5	321	920,565	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131487806:A:T	A	SLC22A5	131	4,924	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131487806:A:T	T	SLC22A5	26,483	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131487806:A:T	T	SLC22A5	16,615	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131487806:A:T	T	SLC22A5	6,852	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131488863:A:G	G	SLC22A5	360	239,061	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131488863:A:G	G	SLC22A5	136	75,059	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131488863:A:G	G	SLC22A5	109	2,20E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131488863:A:G	A	SLC22A5	31,317	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131488863:A:G	A	SLC22A5	16,325	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131488863:A:G	A	SLC22A5	6,883	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490049:A:T	A	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131490049:A:T	A	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131490049:A:T	A	SLC22A5	87	377,607	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131490049:A:T	A	SLC22A5	349	650,005	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131490049:A:T	A	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131490049:A:T	A	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131490049:A:T	T	SLC22A5	30,858	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490049:A:T	T	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490049:A:T	T	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490113:C:G	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131490113:C:G	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131490113:C:G	C	SLC22A5	87	377,732	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19

5:131490113:C:G	C	SLC22A5	349	65,061	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131490113:C:G	C	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131490113:C:G	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131490113:C:G	G	SLC22A5	30,870	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131490113:C:G	G	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131490113:C:G	G	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131491850:A:G	G	SLC22A5	519	2,86E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131491850:A:G	G	SLC22A5	209	3,19E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131491850:A:G	G	SLC22A5	87	342,033	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131491850:A:G	G	SLC22A5	360	265,213	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131491850:A:G	G	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131491850:A:G	G	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131491850:A:G	A	SLC22A5	31,193	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131491850:A:G	A	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131491850:A:G	A	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492527:C:T	T	SLC22A5	519	2,55E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131492527:C:T	T	SLC22A5	207	3,47E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131492527:C:T	T	SLC22A5	87	342,254	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131492527:C:T	T	SLC22A5	360	26,576	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131492527:C:T	T	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131492527:C:T	T	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131492527:C:T	C	SLC22A5	30,997	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492527:C:T	C	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492527:C:T	C	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492616:A:G	G	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131492616:A:G	G	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131492616:A:G	G	SLC22A5	87	343,042	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131492616:A:G	G	SLC22A5	360	265,482	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131492616:A:G	G	SLC22A5	134	125,141	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131492616:A:G	G	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131492616:A:G	A	SLC22A5	30,965	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492616:A:G	A	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492616:A:G	A	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492723:A:C	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131492723:A:C	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131492723:A:C	C	SLC22A5	87	343,118	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131492723:A:C	C	SLC22A5	360	265,574	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131492723:A:C	C	SLC22A5	135	977,145	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131492723:A:C	C	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131492723:A:C	A	SLC22A5	31,026	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131492723:A:C	A	SLC22A5	15,653	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131492723:A:C	A	SLC22A5	6,652	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131500700:C:T	C	SLC22A5	533	6,72E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131500700:C:T	C	SLC22A5	211	1,50E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131500700:C:T	C	SLC22A5	86	337,673	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131500700:C:T	C	SLC22A5	345	395,823	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131500700:C:T	C	SLC22A5	123	32,213	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131500700:C:T	C	SLC22A5	109	5,62E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131500700:C:T	T	SLC22A5	32,003	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131500700:C:T	T	SLC22A5	15,580	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131500700:C:T	T	SLC22A5	6,468	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131500700:C:T	T	SLC22A5	184	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131501134:C:T	T	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131501134:C:T	T	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131501134:C:T	T	SLC22A5	360	238,373	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131501134:C:T	T	SLC22A5	127	473,471	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131501134:C:T	T	SLC22A5	107	1,95E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131501134:C:T	C	SLC22A5	32,656	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501134:C:T	C	SLC22A5	16,362	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501134:C:T	C	SLC22A5	6,827	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	T	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131501905:C:T	T	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131501905:C:T	T	SLC22A5	349	58,841	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131501905:C:T	T	SLC22A5	125	461,497	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131501905:C:T	T	SLC22A5	107	1,95E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131501905:C:T	C	SLC22A5	32,649	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131501905:C:T	C	SLC22A5	16,340	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	C	SLC22A5	6,898	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131501905:C:T	C	SLC22A5	198	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131502503:C:T	C	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131502503:C:T	C	SLC22A5	201	4,91E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131502503:C:T	C	SLC22A5	360	236,998	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131502503:C:T	C	SLC22A5	128	302,776	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131502503:C:T	C	SLC22A5	107	1,82E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131502503:C:T	T	SLC22A5	32,488	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131502503:C:T	T	SLC22A5	16,316	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131502503:C:T	T	SLC22A5	6,799	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-305	285,164	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFN γ	Macrophage_IFN
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-378	434,292	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-77	3,07E-11	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-41	357,936	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell_CD4
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-47	2,29E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T-Cells_CD8
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-85	3,84E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-204	1,29E-13	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-251	1,30E-29	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131503195:C:CT	C	SLC22A5	-369	1,91E-08	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131503195:C:T	C	SLC22A5	316	189,839	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131503195:C:T	T	SLC22A5	22,752	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	G	SLC22A5	349	58,761	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	Blood
5:131503340:A:G	G	SLC22A5	107	7,17E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131503340:A:G	A	SLC22A5	26,777	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131503340:A:G	A	SLC22A5	16,362	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131503340:A:G	A	SLC22A5	6,827	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131505047:A:ACT	A	SLC22A5	345	356,693	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131505047:A:ACT	A	SLC22A5	126	206,349	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131505047:A:ACT	ACT	SLC22A5	185	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131507072:A:G	A	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131507072:A:G	A	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131507072:A:G	A	SLC22A5	349	58,887	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell

5:131507072:A:G	A	SLC22A5	128	302,776	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131507072:A:G	A	SLC22A5	107	1,95E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131507072:A:G	G	SLC22A5	32,415	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131507072:A:G	G	SLC22A5	16,340	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131507072:A:G	G	SLC22A5	6,898	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131507072:A:G	G	SLC22A5	198	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131509271:A:G	A	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131509271:A:G	A	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131509271:A:G	A	SLC22A5	349	588,405	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131509271:A:G	A	SLC22A5	128	302,776	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131509271:A:G	A	SLC22A5	107	1,95E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131509271:A:G	G	SLC22A5	32,502	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131509271:A:G	G	SLC22A5	16,340	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131509271:A:G	G	SLC22A5	6,898	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131509271:A:G	G	SLC22A5	187	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131511141:A:T	A	SLC22A5	520	2,52E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131511141:A:T	A	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131511141:A:T	A	SLC22A5	87	402,334	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131511141:A:T	A	SLC22A5	360	264,694	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131511141:A:T	A	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131511141:A:T	A	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131511141:A:T	T	SLC22A5	30,823	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131511141:A:T	T	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131511141:A:T	T	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131511141:A:T	T	SLC22A5	181	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131511399:T:TA	TA	SLC22A5	349	58,826	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131512046:C:T	C	SLC22A5	87	362,344	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131512046:C:T	C	SLC22A5	360	264,569	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131512046:C:T	C	SLC22A5	103	1,32E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131512046:C:T	T	SLC22A5	23,275	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512046:C:T	T	SLC22A5	10,300	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512046:C:T	T	SLC22A5	5,306	8,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512277:A:G	G	SLC22A5	87	362,522	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131512277:A:G	G	SLC22A5	360	264,433	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131512277:A:G	G	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131512277:A:G	G	SLC22A5	109	1,54E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Blood
5:131512277:A:G	A	SLC22A5	30,746	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131512277:A:G	A	SLC22A5	15,607	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131512277:A:G	A	SLC22A5	6,606	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513631:C:CT	CT	SLC22A5	87	365,619	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131513631:C:CT	CT	SLC22A5	361	252,205	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131513631:C:CT	CT	SLC22A5	128	36,355	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131513712:A:G	A	SLC22A5	497	9,82E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131513712:A:G	A	SLC22A5	191	10,907	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131513712:A:G	A	SLC22A5	320	99,391	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131513712:A:G	A	SLC22A5	130	511,905	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131513712:A:G	A	SLC22A5	96	6,38E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131513712:A:G	G	SLC22A5	34,786	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131513712:A:G	G	SLC22A5	16,785	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	SLC22A5	6,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131513712:A:G	G	SLC22A5	174	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood

5:131515413:C:T	C	SLC22A5	517	4,68E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131515413:C:T	C	SLC22A5	203	1,26E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131515413:C:T	C	SLC22A5	83	49,705	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131515413:C:T	C	SLC22A5	345	357,208	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131515413:C:T	C	SLC22A5	123	292,459	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131515413:C:T	C	SLC22A5	105	1,53E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131515413:C:T	T	SLC22A5	34,218	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515413:C:T	T	SLC22A5	16,529	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	T	SLC22A5	6,749	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515413:C:T	T	SLC22A5	188	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131515730:C:T	C	SLC22A5	83	499,759	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131515730:C:T	C	SLC22A5	345	357,245	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131515730:C:T	C	SLC22A5	133	783,285	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131515730:C:T	C	SLC22A5	105	1,53E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131515730:C:T	T	SLC22A5	34,255	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131515730:C:T	T	SLC22A5	16,514	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	SLC22A5	6,749	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131515730:C:T	T	SLC22A5	188	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131517482:C:T	C	SLC22A5	503	1,85E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131517482:C:T	C	SLC22A5	200	2,93E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131517482:C:T	C	SLC22A5	360	23,837	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131517482:C:T	C	SLC22A5	130	208,622	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131517482:C:T	C	SLC22A5	105	4,51E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131517482:C:T	T	SLC22A5	33,443	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131517482:C:T	T	SLC22A5	16,525	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131517482:C:T	T	SLC22A5	6,902	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131517482:C:T	T	SLC22A5	194	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131518843:C:T	T	SLC22A5	508	2,69E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131518843:C:T	T	SLC22A5	206	2,03E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131518843:C:T	T	SLC22A5	87	326,565	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131518843:C:T	T	SLC22A5	349	64,614	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131518843:C:T	T	SLC22A5	128	337,393	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131518843:C:T	T	SLC22A5	107	3,71E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131518843:C:T	C	SLC22A5	31,660	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131518843:C:T	C	SLC22A5	15,831	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131518843:C:T	C	SLC22A5	6,656	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131518843:C:T	C	SLC22A5	182	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131519540:A:G	G	SLC22A5	87	326,925	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131519540:A:G	G	SLC22A5	350	6,553	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131519540:A:G	G	SLC22A5	127	408,542	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131519540:A:G	G	SLC22A5	108	2,08E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131519540:A:G	A	SLC22A5	31,783	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131519540:A:G	A	SLC22A5	15,503	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131519540:A:G	A	SLC22A5	6,408	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131519540:A:G	A	SLC22A5	182	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131523012:C:G	C	SLC22A5	509	1,52E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131523012:C:G	C	SLC22A5	197	14,311	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131523012:C:G	C	SLC22A5	83	352,873	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131523012:C:G	C	SLC22A5	320	117,769	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131523012:C:G	C	SLC22A5	140	87,862	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

5:131523012:C:G	C	SLC22A5	100	1,61E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131523012:C:G	G	SLC22A5	32,851	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131523012:C:G	G	SLC22A5	15,959	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523012:C:G	G	SLC22A5	6,667	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131523776:C:G	G	SLC22A5	187	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131523776:C:CCTGA	CCTGA	SLC22A5	87	362,107	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131523776:C:CCTGA	CCTGA	SLC22A5	349	75,119	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131523776:C:CCTGA	CCTGA	SLC22A5	141	454,726	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131523776:C:CCTGA	C	SLC22A5	188	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131525881:C:T	T	SLC22A5	519	2,57E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131525881:C:T	T	SLC22A5	208	3,37E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131525881:C:T	T	SLC22A5	87	360,456	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131525881:C:T	T	SLC22A5	347	88,703	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131525881:C:T	T	SLC22A5	137	788,885	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131525881:C:T	T	SLC22A5	110	8,53E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131525881:C:T	C	SLC22A5	31,569	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525881:C:T	C	SLC22A5	4,047	3,020,324	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525881:C:T	C	SLC22A5	9,973	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131525881:C:T	C	SLC22A5	188	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131525883:C:T	C	SLC22A5	519	2,57E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131525883:C:T	C	SLC22A5	208	3,37E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131525883:C:T	C	SLC22A5	87	360,668	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131525883:C:T	C	SLC22A5	346	89,186	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131525883:C:T	C	SLC22A5	137	788,885	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131525883:C:T	C	SLC22A5	110	8,53E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131525883:C:T	T	SLC22A5	30,101	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131525883:C:T	T	SLC22A5	188	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131526736:C:T	T	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131526736:C:T	T	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131526736:C:T	T	SLC22A5	345	866,085	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131526736:C:T	T	SLC22A5	139	480,071	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131526736:C:T	T	SLC22A5	106	1,73E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131526736:C:T	C	SLC22A5	32,409	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131526736:C:T	C	SLC22A5	16,587	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131526736:C:T	C	SLC22A5	6,985	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131526736:C:T	C	SLC22A5	190	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527012:C:T	C	SLC22A5	87	326,845	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131527012:C:T	C	SLC22A5	345	951,025	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131527012:C:T	C	SLC22A5	137	76,792	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131527012:C:T	T	SLC22A5	17,124	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527012:C:T	T	SLC22A5	15,692	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527012:C:T	T	SLC22A5	6,696	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527247:T:TG	T	SLC22A5	346	85,017	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131527247:T:TG	T	SLC22A5	139	480,071	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131527321:C:T	C	SLC22A5	533	6,58E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131527321:C:T	C	SLC22A5	211	1,48E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131527321:C:T	C	SLC22A5	86	312,308	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131527321:C:T	C	SLC22A5	341	59,041	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131527321:C:T	C	SLC22A5	132	55,478	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

5:131527321:C:T	C	SLC22A5	110	3,09E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131527321:C:T	T	SLC22A5	32,620	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527321:C:T	T	SLC22A5	15,819	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	SLC22A5	6,573	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527321:C:T	T	SLC22A5	195	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131527714:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131527714:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131527714:C:T	C	SLC22A5	87	358,846	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131527714:C:T	C	SLC22A5	345	950,715	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131527714:C:T	C	SLC22A5	138	58,407	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131527714:C:T	C	SLC22A5	110	8,53E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131527714:C:T	T	SLC22A5	31,765	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131527714:C:T	T	SLC22A5	15,692	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527714:C:T	T	SLC22A5	6,696	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131527714:C:T	T	SLC22A5	188	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131539025:C:T	T	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131539025:C:T	T	SLC22A5	208	3,40E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131539025:C:T	T	SLC22A5	87	358,629	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131539025:C:T	T	SLC22A5	345	94,743	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131539025:C:T	T	SLC22A5	138	5,626	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131539025:C:T	T	SLC22A5	110	8,53E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131539025:C:T	C	SLC22A5	31,853	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131539025:C:T	C	SLC22A5	15,753	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131539025:C:T	C	SLC22A5	6,739	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131539025:C:T	C	SLC22A5	184	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131540053:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131540053:C:T	C	SLC22A5	208	3,40E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131540053:C:T	C	SLC22A5	87	358,895	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131540053:C:T	C	SLC22A5	345	94,743	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131540053:C:T	C	SLC22A5	136	878,965	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131540053:C:T	C	SLC22A5	110	8,53E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131540053:C:T	T	SLC22A5	31,716	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540053:C:T	T	SLC22A5	15,773	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540053:C:T	T	SLC22A5	6,751	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540053:C:T	T	SLC22A5	184	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131540875:G:T	G	SLC22A5	87	358,158	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131540875:G:T	G	SLC22A5	349	64,628	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131540875:G:T	G	SLC22A5	138	58,407	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131540875:G:T	G	SLC22A5	110	8,53E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131540875:G:T	T	SLC22A5	31,669	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131540875:G:T	T	SLC22A5	15,784	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540875:G:T	T	SLC22A5	6,739	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131540875:G:T	T	SLC22A5	195	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131543766:A:G	G	SLC22A5	86	370,941	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131543766:A:G	G	SLC22A5	350	63,725	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131543766:A:G	G	SLC22A5	140	400,612	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131543766:A:G	G	SLC22A5	104	3,97E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
5:131543766:A:G	A	SLC22A5	33,948	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131543766:A:G	A	SLC22A5	16,726	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131543766:A:G	A	SLC22A5	6,976	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

		5:131543766:A:G	A	SLC22A5	180	9,62E-31	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
		5:131545168:C:T	C	SLC22A5	508	2,69E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
		5:131545168:C:T	C	SLC22A5	206	2,03E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
		5:131545168:C:T	C	SLC22A5	90	145,114	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
		5:131545168:C:T	C	SLC22A5	126	47,666	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
		5:131545168:C:T	C	SLC22A5	348	799,185	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
		5:131545168:C:T	C	SLC22A5	137	66,533	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		5:131545168:C:T	C	SLC22A5	108	2,08E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
		5:131545168:C:T	T	SLC22A5	32,298	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131545168:C:T	T	SLC22A5	15,957	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131545168:C:T	T	SLC22A5	6,743	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131548938:A:G	G	SLC22A5	514	1,78E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
		5:131548938:A:G	G	SLC22A5	201	4,94E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
		5:131548938:A:G	G	SLC22A5	91	145,554	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
		5:131548938:A:G	G	SLC22A5	345	129,286	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
		5:131548938:A:G	G	SLC22A5	139	436,606	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		5:131548938:A:G	G	SLC22A5	106	1,73E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
		5:131548938:A:G	A	SLC22A5	33,434	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131548938:A:G	A	SLC22A5	16,642	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131548938:A:G	A	SLC22A5	7,019	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131548938:A:G	A	SLC22A5	186	9,62E-31	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
		5:131550442:C:T	C	SLC22A5	519	2,56E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
		5:131550442:C:T	C	SLC22A5	208	3,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
		5:131550442:C:T	C	SLC22A5	95	65,758	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
		5:131550442:C:T	C	SLC22A5	349	114,802	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
		5:131550442:C:T	C	SLC22A5	138	550,455	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
		5:131550442:C:T	C	SLC22A5	110	8,53E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
		5:131550442:C:T	T	SLC22A5	31,939	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131550442:C:T	T	SLC22A5	15,869	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131550442:C:T	T	SLC22A5	6,786	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5q31.1	rs128738	5:131550442:C:T	T	SLC22A5	184	9,62E-31	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
		5:131748241:T:TA	T	AC034220.3	382	140,071	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
		5:131748241:T:TA	T	AC034220.3	237	276,553	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	lymphoblastoid cell lines
		5:131748241:T:TA	TA	AC034220.3	630	49	DICE	T_CD8_naive	T_CD8_naive
		5:131748241:T:TA	TA	AC034220.3	572	49	DICE	NK	NK
		5:131748241:T:TA	TA	AC034220.3	597	49	DICE	T_CD4_TH17	T_CD4_TH17
		5:131748241:T:TA	TA	AC034220.3	707	49	DICE	T_CD4_TH2	T_CD4_TH2
		5:131748241:T:TA	TA	AC034220.3	596	49	DICE	T_CD4_memory_TREG	T_CD4_memory_TREG
		5:131790616:A:G	G	AC034220.3	174	1,79E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
		5:131790616:A:G	A	AC034220.3	11,771	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131790616:A:G	A	AC034220.3	8,579	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131790616:A:G	A	AC034220.3	9,549	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131790616:A:G	A	AC034220.3	9,748	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131796922:A:G	G	AC034220.3	161	7,55E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
		5:131796922:A:G	A	AC034220.3	11,706	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:131796922:A:G	A	AC034220.3	7,130	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131796922:A:G	A	AC034220.3	7,873	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131796922:A:G	A	AC034220.3	8,341	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		5:131797547:A:G	A	AC034220.3	203	1,66E-09	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
		5:131797547:A:G	A	AC034220.3	78	535,715	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblasacid cell lines

5:131797547:A:G	G	AC034220.3	556	49	DICE	T_CD8_naive	T_CD8_naive
5:131797547:A:G	G	AC034220.3	557	49	DICE	T_CD4_TH17	T_CD4_TH17
5:131797547:A:G	G	AC034220.3	563	49	DICE	T_CD4_TH1_17	T_CD4_TH1_17
5:131797547:A:G	G	AC034220.3	586	49	DICE	T_CD4_TH2	T_CD4_TH2
5:131797547:A:G	G	AC034220.3	14,357	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	AC034220.3	8,081	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	AC034220.3	9,335	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	AC034220.3	9,705	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131813219:A:T	A	AC034220.3	165	4,53E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131813219:A:T	T	AC034220.3	10,684	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	AC034220.3	8,087	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131813219:A:T	T	AC034220.3	8,543	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131813219:A:T	T	AC034220.3	8,990	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131819921:A:C	C	AC034220.3	157	20,069	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131819921:A:C	A	AC034220.3	9,470	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	AC034220.3	7,590	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131819921:A:C	A	AC034220.3	8,792	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131819921:A:C	A	AC034220.3	9,010	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	T	AC034220.3	157	20,062	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131825842:G:T	G	AC034220.3	9,386	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131825842:G:T	G	AC034220.3	7,621	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	G	AC034220.3	8,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	G	AC034220.3	9,046	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	A	AC034220.3	-157	20,062	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131827775:A:G	A	AC034220.3	9,341	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131827775:A:G	A	AC034220.3	7,591	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	A	AC034220.3	8,933	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	A	AC034220.3	9,093	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	G	AC034220.3	-157	22,355	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131832514:A:G	G	AC034220.3	9,519	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131832514:A:G	A	AC034220.3	-7,698	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	A	AC034220.3	-9,013	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	A	AC034220.3	-9,172	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131790616:A:G	A	AC034228.7	203	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131796922:A:G	A	AC034228.7	197	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131797547:A:G	G	AC034228.7	195	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131813219:A:T	T	AC034228.7	170	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131818828:C:CT	C	AC034228.7	-200	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131819921:A:C	A	AC034228.7	191	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131825842:G:T	G	AC034228.7	188	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131827775:A:G	G	AC034228.7	-197	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131832514:A:G	A	AC034228.7	-197	5,93E-37	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131797547:A:G	A	AC116366.5	-211	111,234	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
5:131819921:A:C	C	AC116366.5	-192	426,282	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
5:131825842:G:T	T	AC116366.5	-193	401,651	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
5:131790616:A:G	G	AC116366.6	-372	1,04E-17	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131790616:A:G	A	AC116366.6	-6,140	1,32E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	AC116366.6	-185	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131796922:A:G	G	AC116366.6	-366	6,55E-18	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131796922:A:G	A	AC116366.6	-6,558	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131796922:A:G	A	AC116366.6	-4,705	192,621	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131796922:A:G	A	AC116366.6	-172	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131797547:A:G	A	AC116366.6	-372	5,52E-18	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

5:131797547:A:G	G	AC116366.6	-6,798	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	AC116366.6	-5,620	3,48E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	AC116366.6	-193	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131813219:A:T	A	AC116366.6	-431	3,80E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131813219:A:T	T	AC116366.6	-8,590	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	AC116366.6	-5,987	6,07E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131813219:A:T	T	AC116366.6	-245	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131818828:C:CT	CT	AC116366.6	431	6,27E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131818828:C:CT	C	AC116366.6	243	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131819921:A:C	C	AC116366.6	-432	3,55E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131819921:A:C	A	AC116366.6	-9,941	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	AC116366.6	-5,943	6,04E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131819921:A:C	A	AC116366.6	-247	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131825842:G:T	T	AC116366.6	-426	2,00E-25	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131825842:G:T	G	AC116366.6	-9,720	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131825842:G:T	G	AC116366.6	-6,041	6,12E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	G	AC116366.6	-246	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131827775:A:G	A	AC116366.6	432	2,58E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131827775:A:G	A	AC116366.6	-9,874	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131827775:A:G	A	AC116366.6	-6,078	6,15E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	G	AC116366.6	241	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131832514:A:G	G	AC116366.6	426	1,24E-25	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131832514:A:G	G	AC116366.6	-9,680	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131832514:A:G	A	AC116366.6	5,889	5,99E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	A	AC116366.6	243	5,80E-22	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131790616:A:G	A	ACSL6	4,969	207,872	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	ACSL6	80	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131796922:A:G	A	ACSL6	5,515	14,605	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131796922:A:G	A	ACSL6	88	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131797547:A:G	G	ACSL6	5,603	10,849	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	ACSL6	86	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131813219:A:T	T	ACSL6	66	1,81E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131813219:A:T	T	ALDH1A1	-7,984	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	ALDH1A1	-8,167	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	APBA2	-4,675	2,119,954	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	APBA2	-4,642	2,443,847	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	C1QA	-4,897	796,392	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	C1QA	-4,569	3,242,481	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	C1QB	-5,365	102,298	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	C1QB	-5,061	37,666	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	C5orf56	6,201	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	C5orf56	4,402	731,731	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131790616:A:G	A	C5orf56	-231	3,17E-30	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131790616:A:G	A	C5orf56	-282	3,37E-48	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131796922:A:G	A	C5orf56	622	49	DICE	T_CD4_TFH	T_CD4_TFH
5:131796922:A:G	A	C5orf56	599	49	DICE	T_CD4_TH1_17	T_CD4_TH1_17
5:131796922:A:G	A	C5orf56	4,677	849,519	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131796922:A:G	A	C5orf56	-86	8,48E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131796922:A:G	A	C5orf56	-269	3,17E-30	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131796922:A:G	A	C5orf56	-344	3,37E-48	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131797547:A:G	G	C5orf56	5,149	84,546	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	C5orf56	4,160	1,940,526	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	C5orf56	-100	8,48E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131797547:A:G	G	C5orf56	-242	3,17E-30	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta

5:131797547:A:G	G	<i>C5orf56</i>	-318	3,37E-48	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131813219:A:T	T	<i>C5orf56</i>	-110	8,48E-12	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>C5orf56</i>	-299	3,17E-30	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131813219:A:T	T	<i>C5orf56</i>	-248	2,32E-07	GTEEx/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131813219:A:T	T	<i>C5orf56</i>	-374	3,37E-48	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131818828:C:CT	C	<i>C5orf56</i>	102	8,48E-12	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131818828:C:CT	C	<i>C5orf56</i>	291	3,17E-30	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131818828:C:CT	C	<i>C5orf56</i>	227	2,32E-07	GTEEx/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131818828:C:CT	C	<i>C5orf56</i>	377	3,37E-48	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131819921:A:C	A	<i>C5orf56</i>	-108	8,48E-12	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>C5orf56</i>	-301	3,17E-30	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131819921:A:C	A	<i>C5orf56</i>	-246	2,32E-07	GTEEx/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131819921:A:C	A	<i>C5orf56</i>	-385	3,37E-48	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131825842:G:T	G	<i>C5orf56</i>	-103	8,48E-12	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131825842:G:T	G	<i>C5orf56</i>	-306	3,17E-30	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131825842:G:T	G	<i>C5orf56</i>	-243	2,32E-07	GTEEx/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131825842:G:T	G	<i>C5orf56</i>	-385	3,37E-48	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131827775:A:G	G	<i>C5orf56</i>	97	8,48E-12	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131827775:A:G	G	<i>C5orf56</i>	295	3,17E-30	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131827775:A:G	G	<i>C5orf56</i>	230	2,32E-07	GTEEx/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131827775:A:G	G	<i>C5orf56</i>	377	3,37E-48	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131832514:A:G	A	<i>C5orf56</i>	100	8,48E-12	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
5:131832514:A:G	A	<i>C5orf56</i>	295	3,17E-30	GTEEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131832514:A:G	A	<i>C5orf56</i>	235	2,32E-07	GTEEx/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131832514:A:G	A	<i>C5orf56</i>	372	3,37E-48	GTEEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131813219:A:T	T	<i>CACNA2D3</i>	4,542	3,610,247	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>CACNA2D3</i>	4,728	1,708,877	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>CTSL</i>	-4,571	3,220,553	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>CTSL</i>	-4,650	2,353,596	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>CYP2S1</i>	5,204	196,337	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>CYP2S1</i>	4,890	822,632	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>CYP4F22</i>	-6,072	5,83E-05	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>CYP4F22</i>	-6,092	3,92E-05	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>DDX58</i>	4,526	3,846,264	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>DDX58</i>	4,657	2,288,278	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>EPB41L3</i>	-5,830	11,968	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>EPB41L3</i>	-5,496	52,752	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>FAM26F</i>	-5,449	69,502	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>FAM26F</i>	-5,328	112,928	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>IL15</i>	-4,919	729,423	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>IL15</i>	-4,633	2,535,499	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	<i>IL5</i>	616	49	DICE	T_CD4_TH1_17	T_CD4_TH1_17
5:131813219:A:T	T	<i>IL5</i>	651	49	DICE	T_CD4_TH1_17	T_CD4_TH1_17
5:131818828:C:CT	C	<i>IL5</i>	-633	49	DICE	T_CD4_TH1_17	T_CD4_TH1_17
5:131819921:A:C	A	<i>IL5</i>	633	49	DICE	T_CD4_TH1_17	T_CD4_TH1_17
5:131790616:A:G	A	<i>IRF1</i>	-5,459	18,993	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131796922:A:G	G	<i>IRF1</i>	-94	97,624	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131796922:A:G	A	<i>IRF1</i>	-6,023	1,31E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	A	<i>IRF1</i>	-108	1,28E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131797547:A:G	G	<i>IRF1</i>	-7,181	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	A	<i>IRF1</i>	-109	5,42E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131813219:A:T	A	<i>IRF1</i>	-84	325,488	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131813219:A:T	T	<i>IRF1</i>	-7,799	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131818828:C:CT	CT	<i>IRF1</i>	108	9,35E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131819921:A:C	C	<i>IRF1</i>	-108	9,60E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131819921:A:C	C	<i>IRF1</i>	-86	192,509	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131819921:A:C	A	<i>IRF1</i>	-7,943	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131825842:G:T	T	<i>IRF1</i>	-106	2,12E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131825842:G:T	T	<i>IRF1</i>	-85	226,336	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131825842:G:T	G	<i>IRF1</i>	-7,874	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131827775:A:G	A	<i>IRF1</i>	106	2,80E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131827775:A:G	A	<i>IRF1</i>	-7,921	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131832514:A:G	G	<i>IRF1</i>	104	5,65E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131832514:A:G	G	<i>IRF1</i>	-8,044	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>KCNMA1</i>	-4,722	174,731	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>KCNMA1</i>	-4,720	1,755,648	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>LAP3</i>	-4,878	866,398	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>LAP3</i>	-4,717	1,778,209	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>LGALS3BP</i>	-5,116	285,876	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>LGALS3BP</i>	-5,204	19,866	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	<i>MIR3936</i>	5,013	173,254	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	<i>MIR3936</i>	4,472	2,201,123	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>MYOF</i>	-5,449	69,512	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>MYOF</i>	-5,221	175,502	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131748241:T:TA	T	<i>P4HA2</i>	-169	9,51E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131748241:T:TA	T	<i>P4HA2</i>	-141	3,02E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131748241:T:TA	T	<i>P4HA2</i>	-137	397,487	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131748241:T:TA	T	<i>P4HA2</i>	-127	481,169	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131748241:T:TA	T	<i>P4HA2</i>	-145	18,754	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131790616:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-169	2,56E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131790616:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-153	1,38E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131790616:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-153	36,416	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131790616:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-142	21,451	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131790616:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-157	1,08E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131790616:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-160	1,58E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131790616:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-126	1,79E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131790616:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-6,219	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-5,052	31,113	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131790616:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-126	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	179	257,197	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-150	9,44E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-137	1,41E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-132	12,845	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-118	20,331	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-134	126,217	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-133	259,481	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131796922:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-95	119,911	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	205	903	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	197	137,831	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-169	5,55E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-141	1,91E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-132	115,923	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-152	2,48E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-150	8,13E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2

5:131797547:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-87	470,458	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131797547:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-98	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	184	193,873	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	222	3,07E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	-180	8,85E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	-142	2,13E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	-148	44,288	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	-118	133,547	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	-170	1,64E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	-177	5,91E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131813219:A:T	A	<i>P4HA2</i>	-90	226,281	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131813219:A:T	T	<i>P4HA2</i>	-138	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131813219:A:T	T	<i>P4HA2</i>	-85	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131818828:C:CT	CT	<i>P4HA2</i>	182	4,94E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131818828:C:CT	CT	<i>P4HA2</i>	144	1,12E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131818828:C:CT	CT	<i>P4HA2</i>	149	38,421	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131818828:C:CT	CT	<i>P4HA2</i>	120	114,717	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131818828:C:CT	CT	<i>P4HA2</i>	172	1,11E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131818828:C:CT	CT	<i>P4HA2</i>	178	6,37E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131818828:C:CT	C	<i>P4HA2</i>	144	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131818828:C:CT	C	<i>P4HA2</i>	94	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	199	265,391	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	Monocytes
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	242	7,07E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-182	5,14E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-144	1,15E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-149	38,324	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-120	117,003	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-171	1,19E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-177	6,70E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131819921:A:C	C	<i>P4HA2</i>	-90	207,474	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131819921:A:C	A	<i>P4HA2</i>	-144	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131819921:A:C	A	<i>P4HA2</i>	-90	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	199	265,287	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	242	7,07E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	-183	4,26E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	-145	7,43E-13	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	-147	59,366	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	-116	261,915	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	-168	3,83E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	-176	1,19E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131825842:G:T	T	<i>P4HA2</i>	-89	266,307	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131825842:G:T	G	<i>P4HA2</i>	-138	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131825842:G:T	G	<i>P4HA2</i>	-87	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-199	265,287	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	-242	7,07E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	183	4,12E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	145	5,81E-13	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	147	61,512	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	116	282,808	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24

5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	167	4,94E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	176	1,32E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131827775:A:G	A	<i>P4HA2</i>	89	266,307	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131827775:A:G	G	<i>P4HA2</i>	139	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131827775:A:G	G	<i>P4HA2</i>	91	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-199	265,286	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	-242	6,79E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	185	3,20E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	148	2,34E-13	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	148	6,697	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	115	341,842	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	165	1,02E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	176	1,82E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
5:131832514:A:G	G	<i>P4HA2</i>	88	379,186	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131832514:A:G	A	<i>P4HA2</i>	133	3,06E-21	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131832514:A:G	A	<i>P4HA2</i>	87	2,12E-31	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131813219:A:T	T	<i>PDE7B</i>	4,816	1,144,347	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>PDE7B</i>	4,564	3,299,045	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	<i>RAD50</i>	5,357	3,335	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131796922:A:G	A	<i>RAD50</i>	6,187	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	<i>RAD50</i>	6,921	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	<i>RAD50</i>	149	3,39E-08	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131813219:A:T	T	<i>RAD50</i>	618	49	DICE	NK	NK
5:131813219:A:T	T	<i>RAD50</i>	8,166	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	<i>RAD50</i>	164	3,39E-08	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131813219:A:T	T	<i>RAD50</i>	95	9,70E-07	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131818828:C:CT	C	<i>RAD50</i>	-592	49	DICE	NK	NK
5:131818828:C:CT	C	<i>RAD50</i>	-176	3,39E-08	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131819921:A:C	A	<i>RAD50</i>	592	49	DICE	NK	NK
5:131819921:A:C	A	<i>RAD50</i>	8,894	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	<i>RAD50</i>	187	3,39E-08	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131819921:A:C	A	<i>RAD50</i>	92	9,70E-07	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131825842:G:T	G	<i>RAD50</i>	8,843	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131825842:G:T	G	<i>RAD50</i>	185	3,39E-08	GTEX/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
5:131825842:G:T	G	<i>RAD50</i>	93	9,70E-07	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131827775:A:G	A	<i>RAD50</i>	8,777	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131827775:A:G	G	<i>RAD50</i>	-175	3,39E-08	GTEX/v8	Artery_Aorta	Aorta
5:131832514:A:G	G	<i>RAD50</i>	8,824	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131832514:A:G	A	<i>RAD50</i>	-178	3,39E-08	GTEX/v8	Artery_Aorta	Aorta
5:131813219:A:T	T	<i>RP11-598F7.3</i>	-4,584	3,047,662	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	<i>SLC22A4</i>	21,101	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	<i>SLC22A4</i>	5,291	8,33E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131790616:A:G	A	<i>SLC22A4</i>	9,748	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131796922:A:G	G	<i>SLC22A4</i>	59	197,144	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131796922:A:G	A	<i>SLC22A4</i>	15,476	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131796922:A:G	A	<i>SLC22A4</i>	7,130	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	A	<i>SLC22A4</i>	63	262,206	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131797547:A:G	G	<i>SLC22A4</i>	15,846	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	<i>SLC22A4</i>	4,585	320,484	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	<i>SLC22A4</i>	8,081	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131813219:A:T	A	<i>SLC22A4</i>	74	1,62E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131813219:A:T	A	<i>SLC22A4</i>	59	404,084	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive

5:131813219:A:T	T	SLC22A4	17,687	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	SLC22A4	5,055	30,051	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131813219:A:T	T	SLC22A4	8,543	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A4	-77	4,63E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A4	-61	199,972	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131819921:A:C	C	SLC22A4	77	4,26E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131819921:A:C	C	SLC22A4	61	181,083	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131819921:A:C	A	SLC22A4	18,642	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	SLC22A4	5,575	3,46E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131819921:A:C	A	SLC22A4	8,792	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	T	SLC22A4	77	4,23E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131825842:G:T	T	SLC22A4	61	214,332	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131825842:G:T	G	SLC22A4	18,643	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131825842:G:T	G	SLC22A4	5,652	2,33E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	G	SLC22A4	8,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	A	SLC22A4	-78	3,79E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131827775:A:G	A	SLC22A4	-61	201,372	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131827775:A:G	A	SLC22A4	18,753	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131827775:A:G	A	SLC22A4	5,691	2,34E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	A	SLC22A4	8,933	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	G	SLC22A4	-79	2,13E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131832514:A:G	G	SLC22A4	-62	148	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131832514:A:G	G	SLC22A4	18,723	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131832514:A:G	A	SLC22A4	-5,914	6,02E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	A	SLC22A4	-9,013	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	73	4,20E-08	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	49	9,99E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T-Cells_CD4
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	42	117,166	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T-Cells_CD8
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	96	3,28E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cell_CD19
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	130	22,602	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	210	2,66E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	330	2,20E-06	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	230	1,75E-06	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131748241:T:TA	T	SLC22A5	206	546,755	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
5:131748241:T:TA	TA	SLC22A5	546	49	DICE	B_cell_naive	B cell
5:131748241:T:TA	TA	SLC22A5	572	49	DICE	T_CD8_naive	T CD8
5:131748241:T:TA	TA	SLC22A5	569	49	DICE	NK	NK
5:131748241:T:TA	TA	SLC22A5	570	49	DICE	T_CD4_TH17	T_CD4_TH17
5:131748241:T:TA	TA	SLC22A5	596	49	DICE	T_CD4_memory_TREG	T_CD4_memory_TREG
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	479	1,00E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	237	2,35E-13	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	66	3,15E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	58	7,36E-07	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T-Cells_CD4
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	47	8,58E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T-Cells_CD8
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	91	6,56E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	125	113,591	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	212	9,83E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	341	1,98E-05	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	205	1,06E-14	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	116	76,758	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
5:131790616:A:G	G	SLC22A5	106	1,15E-14	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131790616:A:G	A	SLC22A5	55,302	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

5:131790616:A:G	A	SLC22A5	25,793	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131790616:A:G	A	SLC22A5	9,549	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131790616:A:G	A	SLC22A5	331	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131790616:A:G	A	SLC22A5	266	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	355	357,966	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	196	2,56E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	48	37,302	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	42	489,003	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	74	51,919	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B-Cells_CD19
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	107	31,219	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	197	1,68E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	287	49,824	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	177	1,14E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	96	354,558	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
5:131796922:A:G	G	SLC22A5	92	1,71E-11	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131796922:A:G	A	SLC22A5	46,544	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131796922:A:G	A	SLC22A5	21,831	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131796922:A:G	A	SLC22A5	8,341	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131796922:A:G	A	SLC22A5	178	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131796922:A:G	A	SLC22A5	157	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	426	1,01E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	211	7,09E-09	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	58	3,13E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	43	104,795	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	36	103,108	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T cell CD8
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	86	1,10E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	128	29,849	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	212	2,85E-21	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	311	2,57E-05	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	203	1,10E-14	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	103	187,387	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
5:131797547:A:G	A	SLC22A5	100	7,68E-16	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131797547:A:G	G	SLC22A5	54,140	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131797547:A:G	G	SLC22A5	25,644	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	SLC22A5	9,705	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	SLC22A5	256	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131797547:A:G	G	SLC22A5	224	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	366	218,045	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	184	6,54E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	59	7,77E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	38	134,295	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	35	139,665	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T cell CD8
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	77	6,52E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	154	3,62E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	219	4,74E-23	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	284	56,004	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	174	5,42E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	89	488,164	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
5:131813219:A:T	A	SLC22A5	81	4,00E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131813219:A:T	T	SLC22A5	51,155	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	SLC22A5	23,458	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

5:131813219:A:T	T	SLC22A5	8,990	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131813219:A:T	T	SLC22A5	288	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131813219:A:T	T	SLC22A5	313	180,998	GTEX/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131813219:A:T	T	SLC22A5	198	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-61	2,91E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-39	68,676	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-36	103,493	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T cell CD8
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-76	6,99E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-153	5,15E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-220	3,08E-23	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-288	34,508	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131818828:C:CT	CT	SLC22A5	-176	3,48E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131818828:C:CT	C	SLC22A5	-284	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131818828:C:CT	C	SLC22A5	-303	180,998	GTEX/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131818828:C:CT	C	SLC22A5	-185	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	404	1,00E-04	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	190	1,39E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	61	3,10E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	39	701,165	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	35	105,598	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T cell CD8
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	76	7,38E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	153	5,63E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	220	3,39E-23	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	287	37,566	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	176	2,98E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	90	407,066	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
5:131819921:A:C	C	SLC22A5	81	3,51E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131819921:A:C	A	SLC22A5	51,939	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	SLC22A5	23,551	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131819921:A:C	A	SLC22A5	9,010	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131819921:A:C	A	SLC22A5	290	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131819921:A:C	A	SLC22A5	301	180,998	GTEX/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131819921:A:C	A	SLC22A5	188	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	404	10,007	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	190	1,39E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	61	3,18E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	38	11,612	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	35	11,586	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T cell CD8
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	74	28,848	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	148	2,43E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	215	7,82E-22	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	288	3,402	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	174	4,71E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	90	407,066	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
5:131825842:G:T	T	SLC22A5	82	3,08E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131825842:G:T	G	SLC22A5	51,187	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131825842:G:T	G	SLC22A5	23,447	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	G	SLC22A5	9,046	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131825842:G:T	G	SLC22A5	285	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131825842:G:T	G	SLC22A5	309	180,998	GTEX/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131825842:G:T	G	SLC22A5	184	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-404	10,007	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte

5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-190	1,39E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-61	3,31E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-38	12,778	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-36	113,548	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T cell CD8
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-73	35,472	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-148	3,22E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-215	9,63E-22	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-285	45,549	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-176	3,14E-10	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-90	407,066	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	-82	3,08E-09	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	51,432	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	23,431	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	A	SLC22A5	9,093	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131827775:A:G	G	SLC22A5	-282	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131827775:A:G	G	SLC22A5	-308	180,998	GTEX/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131827775:A:G	G	SLC22A5	-180	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-404	9,84E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-189	1,46E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_T-cell	T cell
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-61	4,13E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_monocyte_CD14	Monocytes_CD14
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-38	191,814	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD4	T cell CD4
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-36	120,393	eQTLcatalogue	CEDAR_T-cell_CD8	T cell CD8
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-72	7,041	eQTLcatalogue	Fairfax_2012_B-cell_CD19	B cells_CD19
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-146	6,01E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-214	2,50E-21	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-271	210,695	eQTLcatalogue	GENCORD_ge_T-cell	T cell
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-171	1,01E-09	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	-78	4,28E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
5:131832514:A:G	G	SLC22A5	50,857	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131832514:A:G	A	SLC22A5	-23,141	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	A	SLC22A5	-9,172	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131832514:A:G	A	SLC22A5	-279	9,62E-31	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
5:131832514:A:G	A	SLC22A5	-304	180,998	GTEX/v8	Artery_Coronary	Artery_Coronary
5:131832514:A:G	A	SLC22A5	-176	6,23E-22	GTEX/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
5:131813219:A:T	T	STAT1	-7,231	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	STAT1	-6,984	0	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	TCN2	-4,820	1,122,936	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	TCN2	-4,786	1,319,661	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	TRANK1	4,830	1,076,183	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	TRANK1	4,732	1,676,642	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	TSPAN2	4,613	2,729,308	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	VAMP5	-5,601	25,848	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	VAMP5	-5,479	59,322	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131813219:A:T	T	WARS	-5,526	42,108	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131819921:A:C	A	WARS	-5,248	160,355	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	Y_RNA	5,651	8,96E-05	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5:131790616:A:G	A	Y_RNA	5,238	9,36E-05	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131796922:A:G	A	Y_RNA	3,926	4,704,807	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:131797547:A:G	G	Y_RNA	5,088	114,558	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5q31.1 rs6894249 5:131797547:A:G	G	Y_RNA	4,826	116,865	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
5:158764177:C:T	C	NSMCE1	4,578	3,125,094	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:158764478:C:T	C	NSMCE1	4,600	2,878,164	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5:158764177:C:T	C	RNF145	-4,921	272,326	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

		5:158764478:C:T	C	<i>RNF145</i>	-4,819	436,002	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:158766022:A:G	A	<i>RNF145</i>	-4,838	399,683	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:158787385:A:G	A	<i>RP11-175K6.1</i>	4,345	3,891,585	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:158797727:C:G	G	<i>RP11-175K6.1</i>	4,328	4,165,337	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:158798075:A:G	G	<i>RP11-175K6.1</i>	4,335	405,546	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:158801187:A:G	A	<i>RP11-175K6.1</i>	4,305	4,606,357	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
5q33.3	rs7725339	5:158802443:C:T	T	<i>RP11-175K6.1</i>	4,299	4,715,869	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		5:158836107:C:T	C	<i>SNORD15B</i>	4,521	3,931,309	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		5:158843235:A:C	A	<i>SNORD15B</i>	5,113	289,414	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
5q33.3	rs60689680	5:158845013:A:T	A	<i>CTB-11I22.2</i>	717	49	DICE	T_CD8_naive	T_CD8_naive
		6:137513744:A:C	C	<i>IFNGR1</i>	-172,269	243,729	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Listeria	Macrophage
		6:137513744:A:C	C	<i>IFNGR1</i>	-1,301	384,027	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Salmonella	Macrophage
		6:137513744:A:C	C	<i>IFNGR1</i>	91,176	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		6:137514790:C:T	C	<i>IFNGR1</i>	-178,574	66,195	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Listeria	Macrophage
		6:137514790:C:T	C	<i>IFNGR1</i>	-132,409	182,803	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Salmonella	Macrophage
		6:137514790:C:T	C	<i>IFNGR1</i>	88,663	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		6:137516589:G:T	T	<i>IFNGR1</i>	-721,682	87,955	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyt e	Monocytes
		6:137516589:G:T	T	<i>IFNGR1</i>	-207,086	1.15E-02	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Listeria	Macrophage
		6:137516589:G:T	T	<i>IFNGR1</i>	-131,861	130,998	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Salmonella	Macrophage
		6:137516589:G:T	G	<i>IFNGR1</i>	-10,344	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		6:137516590:C:T	T	<i>IFNGR1</i>	-72,168	87,875	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyt e	Monocytes
		6:137516590:C:T	T	<i>IFNGR1</i>	-207,118	1.14E-02	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Listeria	Macrophage
		6:137516590:C:T	T	<i>IFNGR1</i>	-131,818	132,043	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrop hage_Salmonella	Macrophage
6q23.3	rs4896243	6:137516590:C:T	C	<i>IFNGR1</i>	-103,359	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27195121:C:T	C	<i>CHRNA2</i>	5,255	50,688	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27208126:A:G	A	<i>CHRNA2</i>	5,289	4,075	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27211910:A:G	A	<i>CHRNA2</i>	5,266	46,963	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27219987:C:T	T	<i>CHRNA2</i>	5,274	45,113	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27219987:C:T	T	<i>CHRNA2</i>	3,985	3,807,946	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27220310:A:G	A	<i>CHRNA2</i>	5,299	39,513	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27220310:A:G	A	<i>CHRNA2</i>	4,038	3,118,203	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27226790:A:C	C	<i>CHRNA2</i>	4,688	801,404	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27227453:C:T	T	<i>CHRNA2</i>	5,419	26,518	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27227453:C:T	T	<i>CHRNA2</i>	4,842	107,219	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27227554:A:G	G	<i>CHRNA2</i>	5,480	16,483	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27227554:A:G	G	<i>CHRNA2</i>	4,842	107,219	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27228666:A:C	A	<i>CHRNA2</i>	5,426	24,007	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27228666:A:C	A	<i>CHRNA2</i>	4,865	98,638	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27230637:A:G	G	<i>CHRNA2</i>	5,133	93,736	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27230637:A:G	G	<i>CHRNA2</i>	4,378	816,877	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27230819:A:G	G	<i>CHRNA2</i>	4,797	477,525	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27230819:A:G	G	<i>CHRNA2</i>	4,147	2,042,195	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27232018:C:T	C	<i>CHRNA2</i>	5,149	85,167	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27232018:C:T	C	<i>CHRNA2</i>	4,642	252,398	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
		8:27195121:C:T	C	<i>CTNNA1</i>	-4,469	4,774,294	eQTLGen	eQTLGen_trans_eQTLs	Blood
		8:27226790:A:C	C	<i>EPHX2</i>	111	1,98E-46	GTEx/v8	Artery_Tibial	Artery_Tibial
		8:27227453:C:T	T	<i>EPHX2</i>	-8,213	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27227554:A:G	G	<i>EPHX2</i>	-8,407	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27228666:A:C	A	<i>EPHX2</i>	-8,190	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
		8:27230637:A:G	G	<i>EPHX2</i>	-9,527	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

8:27230819:A:G	G	<i>EPHX2</i>	-9,208	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27232018:C:T	C	<i>EPHX2</i>	-7,792	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	98	850,485	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-210	3,35E-05	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	105	2,45E-12	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	121	1,40E-12	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	83	7,82E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	103	7,94E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	75	118,382	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	123	2,20E-16	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-122	2,97E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-178	6,05E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	114	3,09E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	114	1,81E-19	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	89	5,44E-27	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	107	118,829	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-153	408,505	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-123	152,944	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
8:27195121:C:T	T	<i>PTK2B</i>	104	3,30E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27195121:C:T	C	<i>PTK2B</i>	55,050	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27195121:C:T	C	<i>PTK2B</i>	27,372	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27195121:C:T	C	<i>PTK2B</i>	124	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	97	110,941	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	-215	8,15E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	82	8,73E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	102	9,00E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	78	22,439	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	124	8,63E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	-125	9,39E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	-179	1,83E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	112	7,72E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	naive
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	112	3,82E-19	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	89	5,44E-27	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Monocytes_naive
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	105	153,858	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27205046:A:AG	AG	<i>PTK2B</i>	-146	266,607	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27205046:A:AG	A	<i>PTK2B</i>	112	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	96	126,199	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-216	6,64E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	105	1,93E-12	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	120	1,38E-12	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	82	8,92E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	102	9,24E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	78	20,395	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	124	7,95E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-125	8,81E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-180	1,44E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	111	8,37E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	112	4,65E-19	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive

8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	88	1,64E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	105	165,206	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-144	450,695	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27208126:A:G	G	<i>PTK2B</i>	105	4,88E-14	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27208126:A:G	A	<i>PTK2B</i>	55,128	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27208126:A:G	A	<i>PTK2B</i>	27,362	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27208126:A:G	A	<i>PTK2B</i>	112	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	96	153,871	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-217	5,41E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	102	1,17E-11	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	121	3,05E-13	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	82	9,53E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	101	1,06E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	78	17,228	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	123	7,63E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-124	7,87E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-179	9,82E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	110	1,11E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	111	7,41E-19	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	88	2,19E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	104	191,483	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-143	63,818	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27211910:A:G	G	<i>PTK2B</i>	101	5,86E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27211910:A:G	A	<i>PTK2B</i>	54,874	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27211910:A:G	A	<i>PTK2B</i>	27,141	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27211910:A:G	A	<i>PTK2B</i>	116	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	94	300,192	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-218	7,23E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	100	3,89E-11	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	120	1,03E-12	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	82	8,71E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	102	7,86E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	79	13,615	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	123	7,56E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-126	5,20E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-179	1,41E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	110	1,39E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	111	9,30E-19	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	88	2,54E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	104	213,357	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-146	104,817	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-121	195,618	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
8:27219987:C:T	C	<i>PTK2B</i>	99	5,38E-12	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27219987:C:T	T	<i>PTK2B</i>	54,812	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27219987:C:T	T	<i>PTK2B</i>	26,883	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27219987:C:T	T	<i>PTK2B</i>	122	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	93	25,271	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG

8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-217	4,80E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macropha ge_naive	Macrophage_naive
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	100	3,81E-11	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyt e	monocyte
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	120	1,02E-12	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil I	neutrophil
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	82	9,63E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	101	1,02E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	79	1,325	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	123	9,37E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-126	4,51E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-179	1,07E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	110	1,95E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	111	9,27E-19	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	87	8,61E-26	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	104	194,127	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil I_CD16	Neutrophils_CD16
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	-134	209,399	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macropha ge_naive	Macrophage_naive
8:27220310:A:G	G	<i>PTK2B</i>	101	8,79E-13	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27220310:A:G	A	<i>PTK2B</i>	54,863	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27220310:A:G	A	<i>PTK2B</i>	26,981	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27220310:A:G	A	<i>PTK2B</i>	116	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	99	459,364	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macropha ge_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	-216	20,634	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macropha ge_naive	Macrophage_naive
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	81	2,86E-07	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyt e	monocyte
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	103	3,82E-10	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil I	neutrophil
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	63	404,665	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	88	42,107	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	77	11,669	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	110	5,45E-14	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	-103	2,90E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	-148	4,47E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	98	2,98E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	100	6,10E-16	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	73	2,77E-18	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27226790:A:C	A	<i>PTK2B</i>	85	1,48E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27226790:A:C	C	<i>PTK2B</i>	48,254	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27226790:A:C	C	<i>PTK2B</i>	24,932	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27226790:A:C	C	<i>PTK2B</i>	107	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	104	681,105	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macropha ge_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-232	3,29E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macropha ge_naive	Macrophage_naive
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	86	1,19E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyt e	monocyte
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	105	2,67E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil I	neutrophil
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	78	148,029	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	103	3,32E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	76	179,242	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	114	2,72E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-132	5,58E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	-193	1,91E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	88	1,05E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	91	2,40E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	79	2,43E-19	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood

8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	99	463,292	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27227453:C:T	C	<i>PTK2B</i>	91	2,90E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27227453:C:T	T	<i>PTK2B</i>	50,239	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27227453:C:T	T	<i>PTK2B</i>	23,164	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27227453:C:T	T	<i>PTK2B</i>	109	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	104	878,515	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-232	6,12E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	86	1,19E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	105	2,67E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	79	123,046	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	104	2,62E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	76	182,106	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	115	2,61E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-132	6,22E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-194	1,69E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	89	9,11E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	92	2,21E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	79	1,67E-19	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	100	456,886	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-136	444,695	eQTLcatalogue	Nedelec_2016_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-133	50,957	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-137	254,888	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
8:27227554:A:G	A	<i>PTK2B</i>	90	1,27E-07	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27227554:A:G	G	<i>PTK2B</i>	50,303	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27227554:A:G	G	<i>PTK2B</i>	23,164	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27227554:A:G	G	<i>PTK2B</i>	117	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	104	57,695	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	-232	3,08E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	78	138,254	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	104	2,87E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	77	163,527	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	114	2,55E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	-132	5,12E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	-193	1,65E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	88	1,19E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	91	2,56E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	79	3,38E-19	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	99	47,556	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27228666:A:C	C	<i>PTK2B</i>	91	2,90E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27228666:A:C	A	<i>PTK2B</i>	50,150	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27228666:A:C	A	<i>PTK2B</i>	23,135	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27228666:A:C	A	<i>PTK2B</i>	110	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	105	90,189	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	-236	4,63E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	80	96,532	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	103	3,74E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	76	310,019	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	114	8,37E-12	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	-132	7,95E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	-193	4,80E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	89	1,19E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	92	2,37E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27229062:T:TTATA	T	<i>PTK2B</i>	101	402,912	eQTLcatalogue	Naranbhai_2015_neutrophil_CD16	Neutrophils_CD16
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	101	400,063	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNg
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-213	57,072	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	73	12,011	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	92	1,45E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	71	107,122	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	94	27,186	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	78	91,121	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	109	4,60E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-117	7,55E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-169	2,87E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	87	1,85E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	86	5,03E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	75	1,15E-17	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27230637:A:G	A	<i>PTK2B</i>	82	1,67E-06	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27230637:A:G	G	<i>PTK2B</i>	45,562	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27230637:A:G	G	<i>PTK2B</i>	21,594	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27230637:A:G	G	<i>PTK2B</i>	102	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-213	40,352	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	72	20,572	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	90	4,30E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	72	497,296	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	93	31,755	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	74	224,496	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	105	2,87E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-115	1,06E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	-165	7,86E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	85	2,96E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	82	4,76E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	75	1,81E-18	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27230819:A:G	A	<i>PTK2B</i>	81	1,54E-06	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27230819:A:G	G	<i>PTK2B</i>	45,551	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27230819:A:G	G	<i>PTK2B</i>	21,537	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27230819:A:G	G	<i>PTK2B</i>	96	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	103	625,655	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNg
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-232	1,92E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	84	2,32E-06	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	103	9,85E-08	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_neutrophil	neutrophil
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	79	58,795	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	102	2,97E-05	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	74	332,595	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	109	2,37E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24

8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-129	9,38E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	-188	7,21E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	85	2,81E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	86	4,42E-09	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	79	4,55E-20	eQTLcatalogue	Lepik_2017_ge_blood	Blood
8:27232018:C:T	T	<i>PTK2B</i>	90	2,86E-08	eQTLcatalogue	TwinsUK_ge_blood	Blood
8:27232018:C:T	C	<i>PTK2B</i>	49,825	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27232018:C:T	C	<i>PTK2B</i>	22,957	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27232018:C:T	C	<i>PTK2B</i>	101	4,94E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	104	624,495	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	-232	2,13E-06	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	80	44,403	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	105	8,54E-06	eQTLcatalogue	CEDAR_neutrophil_CD15	Neutrophils_CD15
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	75	209,428	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	108	7,15E-11	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	-129	1,20E-07	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	-189	8,11E-15	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	92	1,73E-06	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27238052:A:AT	AT	<i>PTK2B</i>	90	4,08E-10	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
8:27195121:C:T	C	<i>TRIM35</i>	-18,719	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27195121:C:T	C	<i>TRIM35</i>	-11,812	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27205046:A:AG	A	<i>TRIM35</i>	-105	2,60E-14	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27208126:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-18,559	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27208126:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-11,718	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27208126:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-105	2,60E-14	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27211910:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-18,457	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27211910:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-11,518	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27211910:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-103	2,60E-14	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27219987:C:T	T	<i>TRIM35</i>	-18,393	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27219987:C:T	T	<i>TRIM35</i>	-11,446	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27220310:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-18,562	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27220310:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-11,504	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27220310:A:G	A	<i>TRIM35</i>	-111	2,60E-14	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
8:27226790:A:C	C	<i>TRIM35</i>	-14,178	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27226790:A:C	C	<i>TRIM35</i>	-9,260	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27227453:C:T	T	<i>TRIM35</i>	-14,196	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27227453:C:T	T	<i>TRIM35</i>	-7,674	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27227554:A:G	G	<i>TRIM35</i>	-14,217	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27227554:A:G	G	<i>TRIM35</i>	-7,674	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27228666:A:C	A	<i>TRIM35</i>	-14,185	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27228666:A:C	A	<i>TRIM35</i>	-7,682	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27230637:A:G	G	<i>TRIM35</i>	-11,661	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27230637:A:G	G	<i>TRIM35</i>	-6,455	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27230819:A:G	G	<i>TRIM35</i>	-11,080	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8:27230819:A:G	G	<i>TRIM35</i>	-6,076	6,15E-06	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
8:27232018:C:T	C	<i>TRIM35</i>	-13,527	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
8p21.2 rs73223431 8:27232018:C:T	C	<i>TRIM35</i>	-7,266	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64387108:C:T	T	<i>ADO</i>	640	49	DICE	T_CD4_naive	T_CD4_naive
10:64387108:C:T	T	<i>ADO</i>	18,814	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64387108:C:T	T	<i>ADO</i>	7,926	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64387108:C:T	T	<i>ADO</i>	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64388365:A:G	A	<i>ADO</i>	136	450,661	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
10:64388365:A:G	G	<i>ADO</i>	18,865	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

10:64388365:A:G	G	ADO	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64388365:A:G	G	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64388631:C:G	G	ADO	146	476,603	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64388631:C:G	C	ADO	18,904	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64388631:C:G	C	ADO	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64388631:C:G	C	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64388947:C:T	T	ADO	640	49	DICE	T_CD4_naive	T_CD4_naive
10:64388947:C:T	T	ADO	16,313	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64388947:C:T	T	ADO	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64388947:C:T	T	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64389170:A:G	G	ADO	136	414,758	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64389170:A:G	A	ADO	16,728	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64389170:A:G	A	ADO	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64389170:A:G	A	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64389912:G: GCTCT	G	ADO	136	488,282	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64389912:G: GCTCT	GCTCT	ADO	106	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64390397:A:T	A	ADO	136	450,539	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64390397:A:T	T	ADO	18,221	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64390397:A:T	T	ADO	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64390838:T:TA	T	ADO	136	456,852	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64390838:T:TA	TA	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64390895:C:T	C	ADO	145	480,795	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64390895:C:T	T	ADO	16,447	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64390895:C:T	T	ADO	7,886	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64390895:C:T	T	ADO	106	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64391167:C:CT	C	ADO	145	460,041	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64391167:C:CT	C	ADO	136	450,729	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64391167:C:CT	CT	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64391208:C:G	G	ADO	145	470,822	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64391208:C:G	G	ADO	136	450,694	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64391208:C:G	C	ADO	18,904	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64391208:C:G	C	ADO	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64391208:C:G	C	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64391846:A:C	C	ADO	145	439,076	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64391846:A:C	C	ADO	136	450,504	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64391846:A:C	A	ADO	18,846	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64391846:A:C	A	ADO	7,959	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64391846:A:C	A	ADO	104	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64394516:C:CA	CA	ADO	136	380,953	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64396042:C:T	C	ADO	147	319,495	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64396042:C:T	T	ADO	18,980	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396042:C:T	T	ADO	7,960	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64396042:C:T	T	ADO	99	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64396916:C:T	C	ADO	147	306,008	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64396916:C:T	T	ADO	18,952	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396916:C:T	T	ADO	7,931	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64396916:C:T	T	ADO	100	3,87E-05	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
10:64396921:A:G	G	ADO	147	31,018	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64396921:A:G	A	ADO	18,966	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396921:A:G	A	ADO	7,931	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood

10:64396921:A:G	A	ADO	100	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64397538:C:T	T	ADO	145	352,203	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64397538:C:T	T	ADO	136	450,661	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64397538:C:T	C	ADO	18,945	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64397538:C:T	C	ADO	7,931	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64397538:C:T	C	ADO	100	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64398466:C:T	C	ADO	143	333,393	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64398466:C:T	C	ADO	139	200,895	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64398466:C:T	T	ADO	18,940	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64398466:C:T	T	ADO	7,989	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64398466:C:T	T	ADO	101	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64402433:A:G	G	ADO	143	379,072	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64402433:A:G	G	ADO	139	200,997	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64402433:A:G	A	ADO	18,907	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64402433:A:G	A	ADO	101	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64402434:G:T	G	ADO	143	380,521	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64402434:G:T	G	ADO	139	200,757	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64402434:G:T	T	ADO	18,540	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64402434:G:T	T	ADO	4,455	582,515	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64402434:G:T	T	ADO	101	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64403424:A:AC	A	ADO	140	169,173	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64403424:A:AC	AC	ADO	100	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64406358:C:G	C	ADO	141	458,409	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS2	Monocytes_LPS2
10:64406358:C:G	C	ADO	142	117,314	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64406358:C:G	G	ADO	19,021	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64406358:C:G	G	ADO	7,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64406358:C:G	G	ADO	100	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64408787:C:T	C	ADO	141	130,181	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64408787:C:T	T	ADO	19,039	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64408787:C:T	T	ADO	7,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64408787:C:T	T	ADO	100	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64410580:A:G	G	ADO	142	122,044	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64410580:A:G	A	ADO	19,036	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64410580:A:G	A	ADO	7,903	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64410580:A:G	A	ADO	100	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64415413:A:T	T	ADO	142	115,776	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64415413:A:T	A	ADO	18,936	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64415413:A:T	A	ADO	7,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64415413:A:T	A	ADO	98	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64421600:C:G	G	ADO	142	116,431	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64421600:C:G	C	ADO	18,925	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64421600:C:G	C	ADO	7,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64421600:C:G	C	ADO	98	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64423505:G:T	G	ADO	142	121,241	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64423505:G:T	T	ADO	18,937	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64423505:G:T	T	ADO	7,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64423505:G:T	T	ADO	98	3,87E-05	GTEEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64434282:A:G	A	ADO	83	11,033	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
10:64434282:A:G	A	ADO	143	170,963	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS

10:64434282:A:G	G	ADO	99	3,87E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64437473:C:T	C	ADO	83	105,912	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
10:64437473:C:T	C	ADO	138	311,664	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64437473:C:T	C	ADO	111	14,991	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
10:64438486:C:G	G	ADO	83	103,056	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
10:64438486:C:G	G	ADO	143	13,791	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64438486:C:G	G	ADO	107	363,896	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
10:64438486:C:G	C	ADO	20,399	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64438486:C:G	C	ADO	8,419	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64438486:C:G	C	ADO	96	3,87E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64438771:C:T	T	ADO	83	102,845	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
10:64438771:C:T	T	ADO	143	127,373	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64438771:C:T	C	ADO	20,231	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64438771:C:T	C	ADO	8,447	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64438771:C:T	C	ADO	96	3,87E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64441204:A:G	G	ADO	83	103,261	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
10:64441204:A:G	G	ADO	135	491,728	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
10:64441204:A:G	G	ADO	109	237,521	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
10:64441204:A:G	A	ADO	20,226	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64441204:A:G	A	ADO	8,475	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64441204:A:G	A	ADO	101	3,87E-05	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
10:64441247:A:AT	A	ADO	80	267,549	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_IFN24	Monocytes_IFN24
10:64387108:C:T	T	EGR2	4,464	2,281,791	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64388365:A:G	G	EGR2	4,457	2,357,539	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64388631:C:G	C	EGR2	4,546	1,565,499	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64390397:A:T	T	EGR2	4,401	3,030,483	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64391208:C:G	C	EGR2	4,447	2,466,448	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64391846:A:C	A	EGR2	4,425	2,737,443	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396042:C:T	T	EGR2	4,424	2,751,562	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396916:C:T	T	EGR2	4,361	3,618,055	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396921:A:G	A	EGR2	4,382	3,304,864	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64397538:C:T	C	EGR2	4,418	2,803,522	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64398466:C:T	T	EGR2	4,358	3,665,442	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64402433:A:G	A	EGR2	4,322	4,268,926	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64402434:G:T	T	EGR2	4,385	3,265,899	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64406358:C:G	G	EGR2	4,466	2,262,225	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64408787:C:T	T	EGR2	4,442	2,519,971	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64410580:A:G	A	EGR2	4,390	3,183,329	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64415413:A:T	A	EGR2	4,395	3,114,345	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64421600:C:G	C	EGR2	4,361	3,622,794	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64423505:G:T	T	EGR2	4,366	3,539,765	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64438486:C:G	C	EGR2	4,580	1,338,265	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64438486:C:G	C	EGR2	3,992	3,712,654	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64438771:C:T	C	EGR2	4,528	1,702,625	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64438771:C:T	C	EGR2	3,992	3,712,654	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64441204:A:G	A	EGR2	4,544	1,581,599	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64441204:A:G	A	EGR2	3,992	3,712,654	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64387108:C:T	C	RP11-436D10.3	228	495,813	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64387108:C:T	T	RP11-436D10.3	7,926	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64388365:A:G	A	RP11-436D10.3	231	367,119	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines

10:64388365:A:G	G	<i>RP11-436D10.3</i>	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64388631:C:G	C	<i>RP11-436D10.3</i>	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64388947:C:T	C	<i>RP11-436D10.3</i>	228	495,813	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64388947:C:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64389170:A:G	G	<i>RP11-436D10.3</i>	228	495,813	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64389170:A:G	A	<i>RP11-436D10.3</i>	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64390397:A:T	A	<i>RP11-436D10.3</i>	228	495,813	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64390397:A:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64390895:C:T	C	<i>RP11-436D10.3</i>	228	476,783	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64390895:C:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,886	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64391167:C:CT	C	<i>RP11-436D10.3</i>	228	476,783	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64391208:C:G	G	<i>RP11-436D10.3</i>	228	476,783	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64391208:C:G	C	<i>RP11-436D10.3</i>	7,944	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64391846:A:C	C	<i>RP11-436D10.3</i>	228	476,783	eQTLcatalogue	GEUVADIS_ge_LCL	Lymphoblastoid cell lines
10:64391846:A:C	A	<i>RP11-436D10.3</i>	7,959	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64396042:C:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,960	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64396916:C:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,931	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64396921:A:G	A	<i>RP11-436D10.3</i>	7,931	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64397538:C:T	C	<i>RP11-436D10.3</i>	7,931	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64398466:C:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,989	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64402434:G:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	4,455	582,515	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64406358:C:G	G	<i>RP11-436D10.3</i>	7,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64408787:C:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,889	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64410580:A:G	A	<i>RP11-436D10.3</i>	7,903	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64415413:A:T	A	<i>RP11-436D10.3</i>	7,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64421600:C:G	C	<i>RP11-436D10.3</i>	7,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64423505:G:T	T	<i>RP11-436D10.3</i>	7,841	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64438486:C:G	C	<i>RP11-436D10.3</i>	8,419	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64438771:C:T	C	<i>RP11-436D10.3</i>	8,447	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64441204:A:G	A	<i>RP11-436D10.3</i>	8,475	0	BIOSQTL	BIOS_eQTL_geneLevel	Blood
10:64387108:C:T	T	<i>RTKN2</i>	4,978	203,642	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64388365:A:G	G	<i>RTKN2</i>	5,104	108,446	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64388631:C:G	C	<i>RTKN2</i>	4,861	353,847	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64389170:A:G	A	<i>RTKN2</i>	4,422	2,772,224	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64390397:A:T	T	<i>RTKN2</i>	4,831	410,541	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64391208:C:G	C	<i>RTKN2</i>	5,005	180,552	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64391846:A:C	A	<i>RTKN2</i>	4,995	190,259	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396042:C:T	T	<i>RTKN2</i>	4,776	531,727	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396916:C:T	T	<i>RTKN2</i>	4,792	487,731	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64396921:A:G	A	<i>RTKN2</i>	4,847	383,441	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64397538:C:T	C	<i>RTKN2</i>	4,855	36,528	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64398466:C:T	T	<i>RTKN2</i>	4,858	356,881	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64402433:A:G	A	<i>RTKN2</i>	4,834	408,736	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64402434:G:T	T	<i>RTKN2</i>	5,056	135,319	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64406358:C:G	G	<i>RTKN2</i>	4,934	257,764	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64408787:C:T	T	<i>RTKN2</i>	4,973	204,835	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64410580:A:G	A	<i>RTKN2</i>	4,962	219,463	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64415413:A:T	A	<i>RTKN2</i>	4,936	256,552	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10:64421600:C:G	C	<i>RTKN2</i>	4,915	280,844	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
10q21.2 rs10995248 10:64423505:G:T	T	<i>RTKN2</i>	4,918	277,233	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40458508:G:GAAAA	GAAAA	<i>AF064858.10</i>	-383	762,665	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS

21:40458722:A:G	A	AF064858.10	-378	103,658	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40459092:C:T	C	AF064858.10	-378	104,356	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40459094:A:G	G	AF064858.10	-452	8,036	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40459094:A:G	G	AF064858.10	-396	150,702	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40459532:C:G	G	AF064858.10	-401	837,465	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40460859:A:G	G	AF064858.10	-403	811,685	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40461378:A:G	G	AF064858.10	-404	840,545	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40462378:C:CA	CA	AF064858.10	-376	328,591	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40462613:T:TG	T	AF064858.10	-373	400,541	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40464760:C: CCTGTAATCCCA	C	AF064858.10	-158	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464924:C:G	G	AF064858.10	-454	329,917	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40464924:C:G	G	AF064858.10	-435	489,217	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40464924:C:G	C	AF064858.10	-154	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465512:G:T	G	AF064858.10	-470	200,303	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40465512:G:T	T	AF064858.10	-157	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465534:A:G	A	AF064858.10	-157	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465901:C:T	T	AF064858.10	-157	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466299:G:T	T	AF064858.10	-158	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466468:A:G	G	AF064858.10	-512	625,915	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40466468:A:G	G	AF064858.10	-490	124,913	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40466468:A:G	A	AF064858.10	-156	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466570:A:G	G	AF064858.10	-454	283,947	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40466570:A:G	G	AF064858.10	-433	487,336	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40466570:A:G	A	AF064858.10	-160	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466744:A:G	A	AF064858.10	-159	3,94E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40458722:A:G	G	AF064858.11	-142	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459092:C:T	T	AF064858.11	-143	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459094:A:G	A	AF064858.11	-150	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459532:C:G	C	AF064858.11	-155	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40460859:A:G	A	AF064858.11	-158	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40461378:A:G	A	AF064858.11	-155	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462378:C:CA	C	AF064858.11	-153	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462613:T:TG	TG	AF064858.11	-152	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464760:C: CCTGTAATCCCA	C	AF064858.11	-196	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464924:C:G	C	AF064858.11	-195	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465178:A:G	A	AF064858.11	-137	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465512:G:T	T	AF064858.11	-194	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465534:A:G	A	AF064858.11	-193	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465901:C:T	T	AF064858.11	-193	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466239:C:G	C	AF064858.11	-139	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466299:G:T	T	AF064858.11	-196	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466468:A:G	A	AF064858.11	-189	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466570:A:G	A	AF064858.11	-195	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466744:A:G	A	AF064858.11	-195	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40467423:A:G	G	AF064858.11	-145	5,56E-11	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40458722:A:G	G	AF064858.7	-133	2,15E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459092:C:T	T	AF064858.7	-136	2,15E-09	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood

21:40459094:A:G	A	AF064858.7	-151	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459532:C:G	C	AF064858.7	-150	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40460859:A:G	A	AF064858.7	-152	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40461378:A:G	A	AF064858.7	-149	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462378:C:CA	C	AF064858.7	-147	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462613:T:TG	TG	AF064858.7	-140	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464760:C: CCTGTAATCCCA	C	AF064858.7	-178	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464924:C:G	C	AF064858.7	-176	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465178:A:G	A	AF064858.7	-141	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465512:G:T	T	AF064858.7	-180	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465534:A:G	A	AF064858.7	-179	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465901:C:T	T	AF064858.7	-179	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466239:C:G	C	AF064858.7	-143	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466299:G:T	T	AF064858.7	-178	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466468:A:G	A	AF064858.7	-180	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466570:A:G	A	AF064858.7	-179	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466744:A:G	A	AF064858.7	-179	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40467423:A:G	G	AF064858.7	-148	2,15E-09	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40458508:G: GAAAA	GAAAA	AF064858.8	-260	337,725	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40458508:G: GAAAA	GAAAA	AF064858.8	-222	104,569	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40458722:A:G	A	AF064858.8	-240	258,393	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40458722:A:G	G	AF064858.8	-185	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459092:C:T	C	AF064858.8	-240	263,044	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40459092:C:T	T	AF064858.8	-186	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459094:A:G	G	AF064858.8	-327	3,49E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40459094:A:G	G	AF064858.8	-282	7,46E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40459094:A:G	A	AF064858.8	-194	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459532:C:G	G	AF064858.8	-323	1,39E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40459532:C:G	G	AF064858.8	-265	12,489	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40459532:C:G	C	AF064858.8	-195	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40460859:A:G	G	AF064858.8	-325	1,17E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40460859:A:G	G	AF064858.8	-268	9,82E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40460859:A:G	A	AF064858.8	-198	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40461378:A:G	G	AF064858.8	-325	1,38E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40461378:A:G	G	AF064858.8	-266	13,121	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40461378:A:G	A	AF064858.8	-194	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462378:C:CA	CA	AF064858.8	-303	11,042	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40462378:C:CA	CA	AF064858.8	-233	50,449	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40462378:C:CA	C	AF064858.8	-191	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462613:T:TG	T	AF064858.8	-301	15,563	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40462613:T:TG	T	AF064858.8	-232	57,862	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40462613:T:TG	TG	AF064858.8	-191	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464760:C: CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	AF064858.8	-386	1,07E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40464760:C: CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	AF064858.8	-314	20,003	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40464760:C: CCTGTAATCCCA	C	AF064858.8	-225	3,47E-12	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464924:C:G	G	AF064858.8	-412	8,76E-07	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS

21:40464924:C:G	G	AF064858.8	-323	105,499	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
21:40464924:C:G	G	AF064858.8	-361	1,19E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40464924:C:G	G	AF064858.8	-293	482,669	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
21:40464924:C:G	C	AF064858.8	-223	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465178:A:G	A	AF064858.8	-176	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465512:G:T	G	AF064858.8	-415	1,14E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40465512:G:T	G	AF064858.8	-329	96,893	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
21:40465512:G:T	G	AF064858.8	-367	1,10E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40465512:G:T	G	AF064858.8	-299	413,975	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
21:40465512:G:T	T	AF064858.8	-225	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465534:A:G	G	AF064858.8	-387	1,49E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40465534:A:G	G	AF064858.8	-317	19,823	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40465534:A:G	A	AF064858.8	-224	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465901:C:T	C	AF064858.8	-387	1,49E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40465901:C:T	C	AF064858.8	-317	19,874	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40465901:C:T	T	AF064858.8	-224	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466239:C:G	C	AF064858.8	-179	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466299:G:T	G	AF064858.8	-383	1,12E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40466299:G:T	G	AF064858.8	-313	17,715	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40466299:G:T	T	AF064858.8	-225	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466468:A:G	G	AF064858.8	-413	7,85E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40466468:A:G	G	AF064858.8	-336	177,408	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
21:40466468:A:G	G	AF064858.8	-384	1,08E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40466468:A:G	G	AF064858.8	-294	187,151	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
21:40466468:A:G	A	AF064858.8	-224	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466570:A:G	G	AF064858.8	-409	9,06E-07	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40466570:A:G	G	AF064858.8	-322	10,644	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_naive	Monocytes_naive
21:40466570:A:G	G	AF064858.8	-360	1,09E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40466570:A:G	G	AF064858.8	-292	474,432	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_R848	Monocytes_R848
21:40466570:A:G	A	AF064858.8	-228	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466744:A:G	G	AF064858.8	-384	1,08E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_LPS	Monocytes_LPS
21:40466744:A:G	G	AF064858.8	-316	14,765	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyt e_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3C SK4
21:40466744:A:G	A	AF064858.8	-227	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40467423:A:G	G	AF064858.8	-190	3,47E-12	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40458508:G: GAAAA	GAAAA	ETS2	-173	348,499	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macro phage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40458508:G: GAAAA	GAAAA	ETS2	-164	87,835	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macro phage_naive	Macrophage_naive
21:40458508:G: GAAAA	GAAAA	ETS2	-286	88,677	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macro phage_Salmonella	Macrophage_Salmo nella
21:40458508:G: GAAAA	GAAAA	ETS2	-320	2,07E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40458508:G: GAAAA	GAAAA	ETS2	-146	2,018	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40458722:A:G	A	ETS2	-173	34,051	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macro phage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40458722:A:G	A	ETS2	-163	882,875	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macro phage_naive	Macrophage_naive
21:40458722:A:G	A	ETS2	-284	948,415	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macro phage_Salmonella	Macrophage_Salmo nella

21:40458722:A:G	A	ETS2	-140	873,845	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40458722:A:G	A	ETS2	-319	1,68E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40458722:A:G	A	ETS2	-146	17,961	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40458722:A:G	G	ETS2	-11,959	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40458722:A:G	G	ETS2	-104	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459092:C:T	C	ETS2	-172	347,541	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40459092:C:T	C	ETS2	-162	892,965	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40459092:C:T	C	ETS2	-283	102,404	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40459092:C:T	C	ETS2	-138	12,638	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40459092:C:T	C	ETS2	-317	2,04E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40459092:C:T	C	ETS2	-146	13,324	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40459092:C:T	T	ETS2	-11,897	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40459092:C:T	T	ETS2	-102	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459094:A:G	G	ETS2	-174	333,963	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40459094:A:G	G	ETS2	-164	78,643	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40459094:A:G	G	ETS2	-286	922,325	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40459094:A:G	G	ETS2	-138	12,799	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40459094:A:G	G	ETS2	-318	1,70E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40459094:A:G	G	ETS2	-147	12,572	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40459094:A:G	A	ETS2	-12,150	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40459094:A:G	A	ETS2	-113	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40459532:C:G	G	ETS2	-172	287,998	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40459532:C:G	G	ETS2	-161	86,158	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40459532:C:G	G	ETS2	-283	747,305	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40459532:C:G	G	ETS2	-141	730,305	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40459532:C:G	G	ETS2	-316	8,02E-21	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40459532:C:G	G	ETS2	-147	8,93E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40459532:C:G	G	ETS2	-94	767,325	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40459532:C:G	G	ETS2	-115	129,915	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40459532:C:G	C	ETS2	-12,123	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40459532:C:G	C	ETS2	-115	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40460859:A:G	G	ETS2	-170	28,513	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40460859:A:G	G	ETS2	-160	845,145	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40460859:A:G	G	ETS2	-280	80,688	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40460859:A:G	G	ETS2	-141	730,295	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40460859:A:G	G	ETS2	-314	2,17E-21	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40460859:A:G	G	ETS2	-147	5,18E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40460859:A:G	G	ETS2	-95	7,453	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40460859:A:G	G	ETS2	-115	142,667	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40460859:A:G	A	ETS2	-12,131	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40460859:A:G	A	ETS2	-113	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40461378:A:G	G	ETS2	-170	284,578	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40461378:A:G	G	ETS2	-159	8,664	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40461378:A:G	G	ETS2	-277	883,535	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella

21:40461378:A:G	G	ETS2	-141	734,495	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40461378:A:G	G	ETS2	-312	1,76E-21	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40461378:A:G	G	ETS2	-146	4,34E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40461378:A:G	G	ETS2	-95	79,606	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40461378:A:G	G	ETS2	-113	22,423	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40461378:A:G	A	ETS2	-12,145	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40461378:A:G	A	ETS2	-109	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462378:C:CA	CA	ETS2	-169	282,964	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40462378:C:CA	CA	ETS2	-158	89,626	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40462378:C:CA	CA	ETS2	-275	91,931	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40462378:C:CA	CA	ETS2	-309	1,46E-21	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40462378:C:CA	CA	ETS2	-146	3,64E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40462378:C:CA	CA	ETS2	-92	112,884	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40462378:C:CA	C	ETS2	-107	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40462613:T:TG	T	ETS2	-168	310,022	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40462613:T:TG	T	ETS2	-157	93,085	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40462613:T:TG	T	ETS2	-275	100,633	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40462613:T:TG	T	ETS2	-308	1,36E-21	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40462613:T:TG	T	ETS2	-145	3,22E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40462613:T:TG	T	ETS2	-91	156,327	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40462613:T:TG	TG	ETS2	-107	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464760:C:CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	ETS2	-309	11,825	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40464760:C:CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	ETS2	-278	2,87E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40464760:C:CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	ETS2	-168	6,68E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40464760:C:CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	ETS2	-138	1,01E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40464760:C:CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	ETS2	-172	1,13E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40464760:C:CCTGTAATCCCA	CCTGTAATCCCA	ETS2	-100	10,539	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40464760:C:CCTGTAATCCCA	C	ETS2	-142	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40464924:C:G	G	ETS2	-308	12,083	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40464924:C:G	G	ETS2	-168	7,35E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40464924:C:G	G	ETS2	-277	2,88E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40464924:C:G	G	ETS2	-167	6,41E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40464924:C:G	G	ETS2	-140	7,78E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40464924:C:G	G	ETS2	-187	5,12E-07	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40464924:C:G	G	ETS2	-104	3,39E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40464924:C:G	C	ETS2	-13,978	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40464924:C:G	C	ETS2	-145	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465178:A:G	G	ETS2	-159	392,459	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40465178:A:G	G	ETS2	-148	156,547	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40465178:A:G	G	ETS2	-257	194,987	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40465178:A:G	G	ETS2	-143	166,314	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40465178:A:G	G	ETS2	-275	7,35E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40465178:A:G	G	ETS2	-131	6,86E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive

21:40465178:A:G	A	ETS2	-11,389	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40465178:A:G	A	ETS2	-95	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465512:G:T	G	ETS2	-305	13,277	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40465512:G:T	G	ETS2	-168	7,58E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40465512:G:T	G	ETS2	-273	3,27E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40465512:G:T	G	ETS2	-166	5,48E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40465512:G:T	G	ETS2	-138	1,98E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40465512:G:T	G	ETS2	-186	1,31E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40465512:G:T	G	ETS2	-103	7,31E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40465512:G:T	T	ETS2	-14,055	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40465512:G:T	T	ETS2	-144	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465534:A:G	G	ETS2	-305	12,791	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40465534:A:G	G	ETS2	-168	7,59E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40465534:A:G	G	ETS2	-273	3,16E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40465534:A:G	G	ETS2	-166	5,49E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40465534:A:G	G	ETS2	-136	2,75E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40465534:A:G	G	ETS2	-170	2,94E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40465534:A:G	G	ETS2	-98	23,127	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Blood
21:40465534:A:G	A	ETS2	-14,015	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40465534:A:G	A	ETS2	-142	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40465901:C:T	C	ETS2	-305	13,044	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40465901:C:T	C	ETS2	-168	7,35E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40465901:C:T	C	ETS2	-273	3,22E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40465901:C:T	C	ETS2	-166	5,57E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40465901:C:T	C	ETS2	-136	2,75E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40465901:C:T	C	ETS2	-170	2,95E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40465901:C:T	C	ETS2	-98	23,058	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40465901:C:T	T	ETS2	-14,085	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40465901:C:T	T	ETS2	-142	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466239:C:G	G	ETS2	-159	404,492	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNG
21:40466239:C:G	G	ETS2	-149	13,638	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40466239:C:G	G	ETS2	-258	177,459	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40466239:C:G	G	ETS2	-143	206,806	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40466239:C:G	G	ETS2	-276	6,52E-20	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40466239:C:G	G	ETS2	-131	7,31E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40466239:C:G	C	ETS2	-11,360	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40466239:C:G	C	ETS2	-94	1,84E-16	GTEX/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466299:G:T	G	ETS2	-306	13,052	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40466299:G:T	G	ETS2	-168	7,36E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40466299:G:T	G	ETS2	-273	3,16E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40466299:G:T	G	ETS2	-166	5,49E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40466299:G:T	G	ETS2	-136	1,27E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40466299:G:T	G	ETS2	-170	1,32E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40466299:G:T	G	ETS2	-99	11,388	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40466299:G:T	T	ETS2	-14,049	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

21:40466299:G:T	T	<i>ETS2</i>	-142	1,84E-16	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466468:A:G	G	<i>ETS2</i>	-309	12,272	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40466468:A:G	G	<i>ETS2</i>	-168	7,35E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40466468:A:G	G	<i>ETS2</i>	-274	3,35E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40466468:A:G	G	<i>ETS2</i>	-166	6,47E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40466468:A:G	G	<i>ETS2</i>	-113	302,605	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40466468:A:G	G	<i>ETS2</i>	-155	373,749	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40466468:A:G	G	<i>ETS2</i>	-95	418,077	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40466468:A:G	A	<i>ETS2</i>	-14,150	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40466468:A:G	A	<i>ETS2</i>	-144	1,84E-16	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466570:A:G	G	<i>ETS2</i>	-307	11,175	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40466570:A:G	G	<i>ETS2</i>	-168	7,38E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40466570:A:G	G	<i>ETS2</i>	-273	3,16E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40466570:A:G	G	<i>ETS2</i>	-166	5,49E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40466570:A:G	G	<i>ETS2</i>	-138	9,47E-06	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40466570:A:G	G	<i>ETS2</i>	-185	5,96E-07	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40466570:A:G	G	<i>ETS2</i>	-103	3,72E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40466570:A:G	A	<i>ETS2</i>	-13,959	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40466570:A:G	A	<i>ETS2</i>	-144	1,84E-16	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40466744:A:G	G	<i>ETS2</i>	-307	11,336	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40466744:A:G	G	<i>ETS2</i>	-168	7,31E-05	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40466744:A:G	G	<i>ETS2</i>	-274	3,67E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40466744:A:G	G	<i>ETS2</i>	-166	5,59E-08	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40466744:A:G	G	<i>ETS2</i>	-137	1,12E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_LPS	Monocytes_LPS
21:40466744:A:G	G	<i>ETS2</i>	-171	1,38E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_naive	Monocytes_naive
21:40466744:A:G	G	<i>ETS2</i>	-100	9,33E-05	eQTLcatalogue	Quach_2016_ge_monocyte_Pam3CSK4	Monocytes_Pam3CSK4
21:40466744:A:G	A	<i>ETS2</i>	-13,995	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40466744:A:G	A	<i>ETS2</i>	-143	1,84E-16	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40467423:A:G	A	<i>ETS2</i>	-171	89,317	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_IFNg	Macrophage_IFNg
21:40467423:A:G	A	<i>ETS2</i>	-159	280,385	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_naive	Macrophage_naive
21:40467423:A:G	A	<i>ETS2</i>	-256	271,867	eQTLcatalogue	Alasoo_2018_ge_macrophage_Salmonella	Macrophage_Salmonella
21:40467423:A:G	A	<i>ETS2</i>	-139	353,209	eQTLcatalogue	BLUEPRINT_ge_monocyte	monocyte
21:40467423:A:G	A	<i>ETS2</i>	-259	7,50E-17	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_LPS24	Monocytes_LPS24
21:40467423:A:G	A	<i>ETS2</i>	-132	5,90E-05	eQTLcatalogue	Fairfax_2014_naive	Monocytes_naive
21:40467423:A:G	G	<i>ETS2</i>	-11,574	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40467423:A:G	G	<i>ETS2</i>	-96	1,84E-16	GTEx/v8	Whole_Blood	Blood
21:40467423:A:G	G	<i>HMGN1</i>	4,811	451,526	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood
21:40458722:A:G	G	<i>LCA5L</i>	-281	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40459092:C:T	T	<i>LCA5L</i>	-281	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40459094:A:G	A	<i>LCA5L</i>	-277	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40459532:C:G	C	<i>LCA5L</i>	-279	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40460859:A:G	A	<i>LCA5L</i>	-279	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40461378:A:G	A	<i>LCA5L</i>	-267	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40462378:C:CA	C	<i>LCA5L</i>	-267	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40462613:T:TG	TG	<i>LCA5L</i>	-265	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta
21:40465178:A:G	A	<i>LCA5L</i>	-266	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta

	21:40466239:C:G	C	<i>LCA5L</i>	-266	8,24E-36	GTEx/v8	Artery_Aorta	Artery_Aorta	
	21:40458722:A:G	G	<i>WRB</i>	-9,118	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40459092:C:T	T	<i>WRB</i>	-9,182	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40459094:A:G	A	<i>WRB</i>	-9,245	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40459532:C:G	C	<i>WRB</i>	-9,363	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40460859:A:G	A	<i>WRB</i>	-9,410	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40461378:A:G	A	<i>WRB</i>	-9,367	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40464924:C:G	C	<i>WRB</i>	-7,730	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40465178:A:G	A	<i>WRB</i>	-7,779	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40465512:G:T	T	<i>WRB</i>	-7,802	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40465534:A:G	A	<i>WRB</i>	-7,745	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40465901:C:T	T	<i>WRB</i>	-7,710	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40466239:C:G	C	<i>WRB</i>	-7,787	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40466299:G:T	T	<i>WRB</i>	-7,708	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40466468:A:G	A	<i>WRB</i>	-7,803	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40466570:A:G	A	<i>WRB</i>	-7,740	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
	21:40466744:A:G	A	<i>WRB</i>	-7,664	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood	
21q22.2	rs2242944	21:40467423:A:G	G	<i>WRB</i>	-6,744	0	eQTLGen	eQTLGen_cis_eQTLs	Blood

Tabla 4. Medicamentos farmacológicamente activos utilizados para cualquier enfermedad y fármacos con mecanismos desconocidos indicados para enfermedades mediadas por el sistema inmunitario que podrían ser potencialmente reutilizados en las vasculitis.

Región genómica asociada	Gen diana	Fármaco	Acción farmacológica	Tipo	Indicación	Enfermedades en ensayos clínicos	Nueva aplicación clínica potencial	
2q13	CSFR1	Sunitinib	inhibitor	Small molecule	Various forms of cancer	Various forms of cancer	EGPA+ EGPA-	
		Pexidartinib	inhibitor	Small molecule	Symptomatic tenosynovial giant cell tumor (TGCT)	Various forms of cancer		
		Imatinib	Unkown	Small molecule	Various forms of cancer	Various forms of cancer, Hypereosinophilic syndrome, Scleroderma systemic, Idiopathic pulmonary fibrosis		
	TNFRSF8	Brentuximab vedotin	binder, antibody, regulator	Monoclonal antibody	Various types of Lymphoma	Various types of Lymphoma		
	TSLP	Tezepelumab	binder, antibody	Biotech	Asthma	Asthma, Chronic Rhinosinusitis, Eosinophilic esophagitis, atopic dermatitis, chronic obstructive pulmonary disease		
2q33.2	CTLA4	Ipilimumab	inhibitor	Monoclonal antibody (mAb)	Various forms of cancer	Various forms of cancer, Human Immunodeficiency Virus (HIV) Infections	AAV EGPA+	
		Abatacept	Unkown	Fusion proteins	Rheumatoid Arthritis, Psoriatic Arthritis, Juvenile Idiopathic Arthritis, prophylaxis of acute graft-versus-host disease	AAV, GCA, TAK, Rheumatoid Arthritis, Juvenile Idiopathic Arthritis, Ankylosing Spondylitis, Systemic Lupus Erythematosus, Systemic Sclerosis		
	ABCB1	Tesmilifene	inducer	Small molecule	Various forms of cancer	Various forms of cancer		
		Cobicistat	inhibitor	Small molecule	HIV Infections	HIV Infections, Cancers, COVID-19, Hepatitis C Virus (HCV) Infection		
		HM-30181	inhibitor	Small molecule	NA	Various forms of cancer		
		INCB3284	Unkown	Small molecule	NA	Investigated for use/treatment in inflammatory disorders (unspecified)		
	CCR2	CCX915	Unkown	Small molecule	NA	Investigated for use/treatment in multiple sclerosis and neurologic disorders		
		Plozalizumab	Unkown	Monoclonal antibody (mAb)	NA	Atherosclerosis, Multiple Sclerosis, Metastatic Cancers, Diabetic Nephropathy		
	CCR5	Maraviroc	antagonist/inhibitor	Small molecule	HIV Type1 Infections	HIV Type1, Acquired Immune Deficiency Syndrome, Atherosclerosis, Cardiovascular Risk, Cardiovascular Disease, Chronic HCV, COVID-19		
	CCR9	Vercimmon	Unkown	Small molecule	NA	Crohn's Disease, Gluten-Sensitive Enteropathy, Ulcerative Colitis		
	CYP2E1		Mitoxantrone	Unkown	Small molecule	Multiple Sclerosis		Multiple Sclerosis, Various forms of cancer
			Dapsone	Unkown	Small molecule	Leprosy, dermatitis herpetiformis		IgAV vasculitis, Psoriasis, leprosy and dermatitis herpetiformis

3p21.31						Type 2 Diabetes Mellitus, Acute Coronary Syndrome, Acute Graft-Vesous-Host Disease, Lymphoblastic Leukemia, Acute Myocardial Infarction, Atherosclerosis, Cardiovascular Disease, Chronic Kidney Disease, Chronic Liver Disease, Congestive Heart Failure, Coronary Artery Disease, Cystic Fibrosis, HIV Infections, Hyperglycemia, Impaired Clucose Tolerance, Impaired Renal Function, Obesity, Psoriasis, Polycystic Ovarian Syndrome, Type 1 Diabetes Mellitus	BD IgAV
	<i>DPP4</i>	Sitagliptin	inhibitor	Small molecule	Type 2 Diabetes Mellitus		
		Vildagliptin	inhibitor	Small molecule	Type 2 Diabetes Mellitus	Type 2 Diabetes Mellitus, Coronary Artery disease, endothelial dysfunction	
		Alogliptin	inhibitor	Small molecule	Type 2 Diabetes Mellitus	Type 2 Diabetes Mellitus, Cardiovascular disease	
		Saxagliptin	inhibitor	Small molecule	Type 2 Diabetes Mellitus	Type 2 Diabetes Mellitus, Cardiovascular disease, COVID-19, Cystic Fibrosis	
		Gosogliptin	Yes but no specify	Small molecule	NA	Type 2 Diabetes Mellitus, Renal Insufficiency chronic	
		Linagliptin	inhibitor	Small molecule	Type 2 Diabetes Mellitus	Type 2 Diabetes Mellitus, Cardiovascular disease, COVID-19, Impaired glucose tolerance, impaired renal function, schizophrenia	
	<i>ELOVL4</i>	Omega-3-carboxylic acids	potentiator	Small molecule	Hypertriglyceridemia	Hypertriglyceridemia, Cardiovascular Disease, Type 2 Diabetes mellitus, Crohn's Disease	
	<i>LTK</i>	Fostamatinib	Unkwon	Small molecule	Chronic immune thrombocytopenia	Rheumatoid Arthritis, Systemic Lupus Erythematosus, IgA Nephropathy	
4p16.2	<i>GAK</i>	Fostamatinib	Unkown	Small molecule	Chronic immune thrombocytopenia	Rheumatoid Arthritis, Systemic Lupus Erythematosus, IgA Nephropathy	BD TAK
	<i>IDUA</i>	Chondroitin sulfate	Unkown	Small molecule	Primary osteoarthritis	Crohn's Disease, Psoriasis	
	<i>CSF2</i>	KB002	Unkown	Small molecule	NA	Investigated for use/treatment in rheumatoid arthritis.	
		Verapamil	Unkwon	Small molecule	Vasopastic angina, Hypertension	Coronary Artery Disease, Crohn's disease, Kidney Stones, Acute Myocardial Infarction, Hypertension, Marfan Syndrome, Epilepsies	
5q31.1	<i>SLC22A4/SLC22A5</i>					Primary systemic carnitine deficiency, Crohn's disease, Acquired Immune Deficiency Sundrome, HIV Infections, Acute Coronary Syndrome, Acute Kidney Injury, Attention Deficit Hyperactivity disorder, End stage renal disease	EGPA- GCA
		Levocarnitine	Unkwon	Small molecule	Primary systemic carnitine deficiency		
	<i>SLC22A4</i>	Cytarabine	Unkwon	Small molecule	Leukemia	Various forms of cancer, Multiple sclerosis	

						Ankylosing Spondylitis, Graft versus Host disease, Polyarticular Juvenile Idiopathic Arthritis, Psoriasis Vulgaris, Psoriatic Arthritis, Pyoderma Gangresorum, Rheumatoid Arthritis, Stevens-Johnson Syndrome, Spondyloarthropathies, COVID-19, Lupus Erythematosus, Sjogren's Syndrome, Type 1 Diabetes mellitus, Vitiligo, Dermatomyositis, HIV/Infection, Behcet's Syndrome, Uveal Disease	
	C1QA	Etanercept	Unkown	Fusion proteins	Rheumatoid Arthritis, Psoriatic arthritis, Ankylosing spondylitis	
		Daclizumab	Unkown	Monoclonal antibody (mAb)	MS, prevention of renal transplant rejection	Multiple Sclerosis, Related Macular Degeneration, Anterior Uveitis, Juvenile Idiopathic Arthritis, Astma, Behcet's Disease, Cardiac transplant, Diabetes mellitus, Hepatitis C Virus Infection, Inflammatory Bowel Diseases, Ulcerative Colitis, Human Immunodeficiency Virus Infection, Type 1 Diabetes Mellitus, Kidney transplantation, Psoriasis	
		Palivizumab	Unkown	Monoclonal antibody (mAb)	Respiratory Syncytial Virus Infection	Severe Respiratory Sybcytial Virus Infection, Various forms of cancer, congenital Heart Disease, Lung disorder	
	C1QA/C1QB	Cetuximab	Unkown	Monoclonal antibody (mAb)	Various forms of cancer	Various forms of cancer, Erdheim-chester Disease, Castleman's Disease	
		Bevacizumab	Unkown	Monoclonal antibody (mAb)	Various forms of cancer	Various forms of cancers, Acute Respiratory Distress syndrome, Severe Sepsis, Castleman's Disease, Erdheim-chester Disease, Related Macula Degeneration, Corneal Neovascularization, COVID-19, Severe Acute Respiratory Syndrome, Diabetic Macular Edema, Type 2 diabetes mellitus, Diabetic retinopathy, Epistaxis, Hereditary Haemorrhagic Telangiectasia, Idiopathic polypoidal chroidal vasculopathy, Uveitis	EGPA+ EGPA- BD KD TAK
5q31.1		Butamben	inhibitor	Small molecule	Chronic pain, surface anesthetic		
		Enflurane	inhibitor/activator	Small molecule	General Anesthesia	General Anesthesia	
		Efonidipine	inhibitor	Small molecule	Hypertension		
	CACNA2D3	Verapamil	Unkown	Small molecule	Hypertension, Vasospastic Angina	Coronary Artery Disease, Crohn's disease, Kidney Stones, Acute Myocardial Infarctation, Hypertension, Marfan Syndrome, Epilepsies	
	CTSL	Fostamatinib	Unkown	Small molecule	Chronic immune thrombocytopenia	Rheumatoid Arthritis, Systemic Lupus Erythematosus, IgA Nephropathy	
		Tralokinumab	antibody	Monoclonal antibody	Atopic dermatitis	Psoriasis, Ulcerative colitis, Idiopathic pulmonary fibrosis, Asthma	
	IL13	Dupilumab	inhibitor antibody	Monoclonal antibody	Atopic dermatitis, Asthma, Rhinosinusitis, Eosinophilic esophagitis	Atopic dermatitis, Allergic Rhinitis, Alopecia Areata, Asthma	

		Romilkimab	Unkwon	Monoclonal antibody	NA	Idiopathic pulmonary fibrosis, Systemic sclerosis	
	IL4	Dupilumab	inhibitor/antibody	Monoclonal antibody	Atopic dermatitis, Asthma, Rhinosinusitis, Eosinophilic esophagitis	Atopic dermatitis, Allergic Rhinitis, Alopecia Areata, Asthma	
		Romilkimab	Unkwon	Monoclonal antibody	NA	Idiopathic pulmonary fibrosis, Systemic sclerosis	
	IL5	Mepolizumab	antagonist regulator	Monoclonal antibody	Asthma, EGPA, Hypereosinophilic syndrome	EGPA, Asthma, Chronic Obstructive Pulmonary Disease, COVID-19	
		Reslizumab	antagonist regulator	Monoclonal antibody	Asthma, Sinusitis	Asthma, Hypereosinophilic syndrome	
		Chlorzoxazone	Yes but no specify	Small molecule	Acute painful musculoskeletal conditions	Type 2 diabetes mellitus	
		Bendroflumethiazide	inducer	Small molecule	Hypertension, Edema	Hypertension	
	KCNMA1	Hydroflumethiazide	inhibitor	Small molecule	Hypertension, Edema	Hypertension	
		Trimebutine	inhibitor	Small molecule	Irritable bowel syndrome	Irritable bowel syndrome, Helicobacter Pylori Infection, Prostate Cancer	
		Ritodrine	activator	Small molecule	Premature labour	Premature labour	
						BD, GCA, Active Psoriatic arthritis, Ankylosing Spondylitis, Rheumatoid Arthritis, Psoriasis, Inflammatory Bowel Disease, Dermatomiositis, Type 1 Diabetes mellitus, Uveitis, Cardiovascular Disease, Alzheimer's Disease, Atopic dermatitis,	
5q33.3	IL12B	Ustekinumab	inhibitor	Monoclonal antibody	Psoriasis, Psoriatic Arthritis, Chron's Disease, Ulcerative Colitis	Psoriasis, Inflammatory Bowel Disease, Dermatomiositis, Type 1 Diabetes mellitus, Uveitis, Cardiovascular Disease, Alzheimer's Disease, Atopic dermatitis,	BD EGPA+ TAK
		Tildrakizumab	antagonist	Monoclonal antibody	Psoriasis	Psoriasis	
		Risankizumab	inhibitor	Monoclonal antibody	Psoriasis, Psoriatic Arthritis, Chron's Disease	Ankylosing Spondylitis, Crohn's Disease, Ulcerative Colitis, Psoriasis, Psoriatic Arthritis, ulcerative Colitis	
		Briakinumab	Unkown	Monoclonal antibody	NA	Investigated for use/treatment in autoimmune diseases, Crohn's disease, Multiple sclerosis, Psoriasis, Osoriatic disorders, Rheumatoid Arthritis	
		Mephentermine	agonist	Small molecule	Maintain blood pressure in hypotensive states		
		Moxisylyte	antagonist	Small molecule	Management of sequelae of cerebral infarction or hemorrhage		
		Dihydroergocristine	antagonist/agonist	Small molecule	Cerebral and peripheric vascular events		
		Ergoloid mesylate	antagonist/agonist	Small molecule	Mental activity decreased	Vascular Dementia, Fragile X syndrome	
		Dihydroergocornine	antagonist/agonist	Small molecule	Idiopathic decreased mental activity		
		DL-Methylephedrine	agonist	Small molecule	Antitussive and decongestant	Pneumonia	
		Dapiprazole	antagonist	Small molecule	Iatrogenically induced mydriasis		
		Terazosin	antagonist	Small molecule	Hyperplasia, Hypertension	Benign prostatic hyperplasia, Hypertension, Artery stenosis, Atherosclerosis, Cardiovascular Disease, Type 2 diabetes mellitus, Atrial fibrillation, COVID-19, Parkinson's Disease	

5q33.3	ADRA1B	Prazosin	antagonist	Small molecule	Hypertension	Hypertension, alcohol dependency, alzheimer's disease, anxiety, cardiovascular disease acute, chronic hepatitis c virus, cirrhosis of the liver, COVID-19, kidney stones, post traumatic stress disorder	IgAV TAK EGPA-
		Norepinephrine	agonist	Small molecule	Vasodilatory shock states such as septic shock and neurogenic shock	Acute ischemic stroke, Acute kidney injury, Anesthesia, Anxiety disorders, Arterial hypotension, Bipolar disorder, Cardiovascular disease, Hepato-renal syndrome, Major depressive disorder, Radiodermatitis	
		Midodrine	agonist	Small molecule	Symptomatic orthostatic hypotension	Acute ischemic stroke, Acute kidney injury, Sepsis, Cerebrovascular accident, Chronic liver diseases, Cirrhosis of the liver, Hepatopulmonary syndrome, Influenza A virus infection, Orthostatic hypotension	
		Phenylephrine	agonist	Small molecule	Hypotension	Acute ischemic stroke, Acute kidney injury, Adverse drug reaction, Anaesthesia, Anxiety, Arrythmia, Cardiomyopathy, Cardiovascular disease, Cataracts, Hemorrhoids, Hepatitis, Horner's syndrome, Intraocular pressure, Migraine, Multiple sclerosis	
		Alfuzosin	antagonist	Small molecule	Benign prostatic hyperplasia	Benign prostatic hyperplasia, Kidney stones, Prostatitis, Renal colic	
		Dronedarone	antagonist	Small molecule	Atrial fibrillation	Atrial fibrillation, Congestive Heart Failure	
		Droxidopa	agonist	Small molecule	Neurogenic orthostatic hypotension	Orthostatic hypotension, Attention deficit hyperactivity disorder, Chronic fatigue syndrome, Fibromyalgia, Menkes disease, Multiple system atrophy, Prthostatic hypotension, Parkinson's disease	
		Ergotamine	partial agonist	Small molecule	Migraines	Orthostatic hypotension	
		Chlorpromazine	antagonist	Small molecule	Schizophrenia, manic-depressive illness	Schizophrenia, bipolar disorder, COVID-19, Gastro-esophageal reflux disease, glioblastoma multiforme	
		Thioridazine	antagonist	Small molecule	Schizophrenia, Anxiety disorders	Schizophrenia, Anxiety disorders, Bipolar disorders, Acute myeloid leukemia	
Thiopropazine	antagonist	Small molecule	Schizophrenia	Schizophrenia, Bipolar disorder			

		Epinephrine	antagonist	Small molecule	Allergic reactions, Cardiac arrest, Glaucoma, Asthma	Anaphylaxis, Abdominal pain, Abscesses, Acute coronary syndrome, Acute kidney injury, Acute pancreatitis, Acute upper gastrointestinal bleeding, Anesthesia, Analgesia, Arrhythmia, Cardiac arrest, Cataracts, Chronic sinusitis, Colon neoplasms, Colorectal cancer, Crohn's disease, Degenerative joint disease, Dental extraction, Depression, Dysphagia, Early gastric cancer, Epilepsies, Irreversible pulpitis, Lung cancer, Migraine, Musculoskeletal disorder, Postoperative pain	
		Sildenafil	antagonist	Small molecule	Benign prostatic hyperplasia	Benign prostatic hyperplasia, Prostate cancer, Urethral stones	
		Brexpiprazole	antagonist	Small molecule	Major Depressive Disorder, Schizophrenia	Major Depressive Disorder, Alzheimer's disease, Anxiety, Attention Deficit Hyperactivity Disorder, Borderline Personality Disorder, Depression, Post traumatic stress disorder, schizophrenia	
		Racepinephrine	agonist	Small molecule	Asthma	Bronchiolitis, Chronic periodontitis, Dysphagia, HIV Infections, Hypogonadism, Iron Deficiency Anemia, Peyronie's Disease, Plasmodium Infections, Ulcerative Colitis	
	MAP3K4	Fostatinib	Unkwn	Small molecule	Chronic immune thrombocytopenia	Rheumatoid Arthritis, Systemic Lupus Erythematosus, IgA Nephropathy	
		Tranexamic acid	inhibitor	Small molecule	Hereditary angioedema	Abdominal Aortic Aneurysm, Anemia, Bloodloss, Various form of cancer, cerebral hemorrhage, cerebrovascular accident, Joint Dysfunction, Kidney Stones, Osteoarthritis	
		Aminocaproic acid	inhibitor	Small molecule	Hemorrhage	Hemorrhage, Coronary artery disease, Osteoarthritis	
		Urokinase	activator	Small molecule	Pulmonary emboli, Acute thrombi obstructing coronary arteries, Occlusive thromboemboli in peripheral arteries and grafts	Pulmonary emboli, Coronary artery disease, Pleural Diseases, Ischemic stroke	
6q26	PLG	Streptokinase	activator	Thrombolytic agents	Acute evolving transmural myocardial infarction, Pulmonary embolism, Deep vein thrombosis, Arterial thrombosis	Acute Coronary Syndrome, Cerebrovascular accident, Acute Myocardial Infarction, Acute Respiratory Distress Syndrome, Ischemic Stroke	EGPA- GCA
		Tenecteplase	activator	Thrombolytic agents	Myocardial infarction	Acute Coronary Syndrome, Acute Ischemic Stroke, Acute Respiratory Distress Syndrome, Cardiac arrest, Cerebrovascular disease, Pulmonary Embolism	

		Alteplase	activator	Thrombolytic agents	Acute ischemic stroke, Acute myocardial infarction	Abscesses, Acute Coronary Syndrome, Acute Ischemic Stroke, Acute Respiratory Distress Syndrome, Cardiovascular Disease, COVID-19, Myocardial infarction, Pulmonary Embolism, Thrombosis	
		Anistreplase	activator	Thrombolytic agents	Acute ischemic stroke, Acute myocardial infarction		
		Retepase	activator	Thrombolytic agents	Acute ischemic stroke, Acute myocardial infarction	Acute Ischemic Stroke, Myocardial infarction, Cerebrovascular accident	
	<i>IFNGR1</i>	Interferon gamma-1b	binder	Biotech	Chronic granulomatous disease, Osteopetrosis	Uveitis, Candidemia, Chronic Hepatitis C virus, Cirrhosis, colorectal cancer, cystic Fibrosis, Friedreich's Atacia, Glioblastoma, Human Immunodeficiency Virus Infections, Idiopathic Pulmonary Fibrosis, Lymphoma, Osteopetrosis, Ovarian Carcinoma, Psoriasis Vulgaris	
6q23.3		Mesalazine	Unkwn	Small molecule	Ulcerative Colitis	Chronic Beryllium Disease, Colorectal Cancer, Chron's Disease, Diverticulitis, Eosinophilic Esophagitis, Human Immunodeficiency Virus Infections, Inflammatory Bowl Disease	AAV_MPO+ BD
	<i>TNFAIP3</i>	Aminosalicic acid	Unkwn	Small molecule	Tuberculosis	Ulcerative Colitis, Crohn's Disease, COVID-19, Human Immunodeficiency Virus Infections	
		Sulfasalazine	Unkwn	Small molecule	Ulcerative Colitis, Rheumatoid Arthritis	Acute Myeloid Leukemia, Ankylosing Spondylitis, Brain Tumor, Breast Cancer, Cardiovascular Risk, Coronary Artery Disease, Inflammatory Bowel Disease, Juvenile Idiopathic Arthritis, Osteomyelitis, Pulmonary Arterial Hypertension, Rheumatoid Arthritis,	
		Metocurine iodide	antagonist	Small molecule	Anesthesia		
		Cisatracurium	antagonist	Small molecule	Anesthesia	Acute Respiratory Distress, Anesthesia, Intraocular Pressure, Neuromuscular Blockade,	
		Mecamylamine	antagonist	Small molecule	Hypertension	Hypertension, Age Related Macular Degeneration	
		Rocuronium	antagonist	Small molecule	Anesthesia	Acute Respiratory Distress, Anesthesia, Cardiac arrest	
		Atracurium besylate	antagonist	Small molecule	Anesthesia	Smooth muscle relaxation	
		Doxacurium	antagonist	Small molecule	Anesthesia		
		Mivacurium	antagonist	Small molecule	Anesthesia	Kidney Diseases, Hepatic dysfunction, neuromuscular Blockade	
	<i>CHRNA2</i>	Decamethonium	partial agonist	Small molecule	Anesthesia		
		Carbamoylcholine	agonist	Small molecule	Reduce Intraocular pressure	Presbuopia, Headache	
		Pipecurium	antagonist	Small molecule	Anesthesia		
		Pancuronium	antagonist	Small molecule	Anesthesia		
8p21.2		Metocurine	antagonist	Small molecule	Muscle relaxant		EGPA+ TAK
		Vecuronium	antagonist	Small molecule	Anesthesia	Anesthesia	

PTK2B	Succinylcholine	agonist	Small molecule	Anesthesia	Tracheal Intubation, Cerebrovascular accident, Adrenal Insufficiency, Bradycardia, Depression, Neuromuscular blockade
	RPI-78M	Unkown	Small molecule		Investigated for use/treatment in multiple sclerosis, neurologic disorders, and pain (acute or chronic)
	Leflunomide	Unkwon	Small molecule	Rheumatoid Arthritis	AAV, Henoch Schönlein Purpura Nephritis, Polymyalgia Rheumatica, Rheumatoid Arthritis, Juvenile Idiopathic Arthritis, Lupus Nephritis, Psoriatic Arthritis, Sjögren Syndrome
	Fostamatinib	Unkwon	Small molecule	Chronic immune thrombocytopenia	Rheumatoid Arthritis, Systemic Lupus Erythematosus, IgA Nephropathy

Tabla 5. Marcadores de expresión de los 13 clusters identificados mediante Seurat.

Cluster	Gen	avg_log2FC	pct.1	pct.2	p_val_adj
0	GAS5	0.37653	0.963	0.903	0
0	EEF1B2	0.36494	1	0.998	0
0	SNHG29	0.32576	0.968	0.924	0
0	TXNIP	0.29998	0.983	0.955	1.76E-274
0	EEF1G	0.25447	1	0.996	0
0	NACA	0.25318	1	1	0
0	C12orf57	0.23917	0.917	0.871	1.21E-264
0	CD7	0.23880	0.711	0.574	2.05E-241
0	SNHG8	0.23789	0.705	0.603	7.68E-210
0	TOMM7	0.23652	0.995	0.986	0
0	NOSIP	0.23284	0.848	0.753	3.14E-229
0	PRKCQ-AS1	0.22508	0.589	0.462	3.99E-206
0	NPM1	0.21188	0.99	0.98	0
0	COX4I1	0.21019	0.986	0.979	0
0	EIF3E	0.20403	0.844	0.783	5.39E-195
0	PSMB9	-0.20000	0.411	0.51	1.80E-146
0	SQSTM1	-0.20014	0.251	0.366	9.83E-177
0	YBX1	-0.20046	0.713	0.797	2.55E-173
0	TUBA4A	-0.20112	0.236	0.345	4.54E-165
0	RHOG	-0.20203	0.291	0.412	8.46E-188
0	CYTOR	-0.20218	0.011	0.115	0
0	EGR1	-0.20381	0.033	0.103	2.62E-158
0	RAC2	-0.20404	0.805	0.868	3.59E-172
0	TTC39C	-0.20475	0.227	0.349	7.78E-195
0	C12orf75	-0.20494	0.042	0.155	1.37E-293
0	EMB	-0.20505	0.223	0.346	6.22E-200
0	DDX24	-0.20583	0.46	0.567	1.19E-163
0	LY6E	-0.20717	0.513	0.6	3.24E-132
0	CD5	-0.20817	0.274	0.389	5.59E-175
0	PDIA3	-0.20834	0.424	0.534	2.55E-177
0	SELENOK	-0.20925	0.328	0.448	3.27E-187
0	CAPZB	-0.20975	0.523	0.624	9.24E-170
0	IL7R	-0.21114	0.907	0.908	1.76E-91
0	ACTG1	-0.21127	0.974	0.98	7.69E-119
0	BRD2	-0.21132	0.224	0.351	1.94E-211
0	LGALS3	-0.21200	0.005	0.103	0
0	SF3B1	-0.21240	0.428	0.552	2.92E-196
0	EIF3A	-0.21302	0.244	0.372	2.31E-208
0	DDX5	-0.21514	0.912	0.941	5.92E-182
0	GNB2	-0.21541	0.226	0.362	3.21E-240
0	GUK1	-0.21543	0.412	0.533	2.74E-199
0	JUND	-0.21697	0.177	0.306	1.51E-232
0	CAPN2	-0.21706	0.177	0.311	2.33E-248
0	TAGAP	-0.21801	0.353	0.468	3.38E-171
0	EIF4A1	-0.21917	0.553	0.657	3.45E-188
0	ARID5B	-0.22001	0.296	0.405	8.45E-160
0	STK17B	-0.22004	0.507	0.617	1.27E-183
0	PMAIP1	-0.22129	0.031	0.133	5.47E-269

0	ANXA6	-0.22204	0.371	0.494	3.66E-201
0	DNAJA1	-0.22347	0.171	0.308	1.05E-258
0	CD82	-0.22360	0.097	0.234	0
0	TUBA1B	-0.22419	0.389	0.504	4.71E-178
0	PPP1R18	-0.22463	0.147	0.286	9.20E-277
0	TUBA1A	-0.22597	0.478	0.598	3.99E-189
0	EIF4G2	-0.22814	0.372	0.505	2.45E-226
0	RORA	-0.22899	0.156	0.288	5.68E-255
0	MYO1G	-0.22913	0.14	0.277	7.28E-276
0	HLA-DPB1	-0.23028	0.067	0.177	4.56E-250
0	PTGER2	-0.23051	0.122	0.251	2.55E-261
0	ARHGAP15	-0.23104	0.387	0.502	8.99E-191
0	CYCS	-0.23106	0.279	0.414	3.32E-234
0	CD2	-0.23237	0.415	0.528	9.07E-186
0	YPEL5	-0.23286	0.42	0.537	2.71E-180
0	ID2	-0.23288	0.151	0.251	4.89E-162
0	MSN	-0.23312	0.294	0.42	2.26E-211
0	NR3C1	-0.23317	0.203	0.335	4.24E-241
0	EID1	-0.23433	0.4	0.533	2.70E-231
0	ITM2A	-0.23550	0.242	0.353	1.55E-175
0	ARF1	-0.23709	0.468	0.599	3.30E-251
0	SELPLG	-0.23957	0.312	0.451	6.85E-242
0	ARHGDIA	-0.24019	0.361	0.501	1.88E-252
0	HLA-DPA1	-0.24035	0.056	0.17	5.31E-277
0	SOCS3	-0.24127	0.192	0.314	4.88E-210
0	ITGA4	-0.24132	0.247	0.342	1.01E-137
0	CCNH	-0.24231	0.219	0.355	6.30E-248
0	SLC9A3R1	-0.24300	0.218	0.357	2.53E-258
0	OPTN	-0.24394	0.176	0.324	6.83E-296
0	HLA-DRB1	-0.24597	0.016	0.112	8.14E-280
0	CALR	-0.24643	0.449	0.571	5.03E-207
0	UBB	-0.24660	0.646	0.747	8.49E-239
0	BHLHE40	-0.24835	0.012	0.132	0
0	YWHAB	-0.24845	0.675	0.773	9.44E-238
0	ANXA5	-0.25108	0.137	0.284	0
0	BTG1	-0.25166	0.979	0.982	4.51E-253
0	TPM3	-0.25211	0.676	0.775	3.22E-254
0	PPP2R5C	-0.25316	0.205	0.346	4.02E-268
0	EIF1	-0.25818	0.999	1	0
0	TIMP1	-0.25821	0.183	0.319	2.21E-260
0	IFITM2	-0.25878	0.592	0.689	4.17E-183
0	TRADD	-0.25919	0.213	0.363	1.32E-294
0	EML4	-0.25986	0.307	0.454	6.13E-276
0	IRF1	-0.26129	0.315	0.429	3.56E-172
0	LSP1	-0.26263	0.631	0.734	6.84E-244
0	LDHA	-0.26703	0.443	0.571	8.26E-250
0	ZFP36L1	-0.26784	0.283	0.41	6.85E-218
0	LRRFIP1	-0.27032	0.344	0.49	7.01E-280
0	CAST	-0.27089	0.246	0.399	2.63E-301
0	PPP1CA	-0.27196	0.335	0.484	2.25E-294
0	ALOX5AP	-0.27305	0.147	0.299	0

0	PBXIP1	-0.27340	0.3	0.448	3.23E-286
0	PLP2	-0.27482	0.42	0.546	1.04E-236
0	ITGB2	-0.27550	0.45	0.57	4.39E-226
0	GLIPR1	-0.27623	0.102	0.257	0
0	HLA-C	-0.27649	0.999	1	0
0	PIK3R1	-0.27710	0.39	0.522	6.02E-242
0	CCNL1	-0.28011	0.445	0.588	3.79E-288
0	TXN	-0.28143	0.155	0.315	0
0	HLA-B	-0.28269	1	1	0
0	AQP3	-0.28288	0.292	0.42	9.18E-229
0	SPOCK2	-0.28291	0.44	0.58	1.45E-290
0	HERPUD1	-0.28905	0.138	0.3	0
0	ARPC2	-0.28927	0.582	0.704	4.55E-299
0	PTGER4	-0.28993	0.317	0.46	2.37E-268
0	PPIB	-0.28993	0.579	0.706	0
0	LCP1	-0.29017	0.415	0.555	7.22E-279
0	IDS	-0.29229	0.222	0.389	0
0	MYADM	-0.29622	0.145	0.295	0
0	SEC61B	-0.29672	0.274	0.443	0
0	SYNE2	-0.29709	0.266	0.416	7.88E-293
0	YWHAQ	-0.29754	0.215	0.379	0
0	CYBA	-0.29804	0.543	0.669	1.80E-296
0	LTB	-0.29827	0.98	0.963	5.12E-162
0	CFL1	-0.30068	0.947	0.972	0
0	TMSB4X	-0.30154	1	1	0
0	CD52	-0.30709	0.987	0.99	0
0	GATA3	-0.30770	0.134	0.284	0
0	TUBB4B	-0.32052	0.115	0.289	0
0	CITED2	-0.32735	0.239	0.384	5.93E-280
0	MCL1	-0.32782	0.259	0.43	0
0	HSP90AA1	-0.33450	0.694	0.817	0
0	RGS1	-0.33729	0.05	0.192	0
0	MYH9	-0.34197	0.399	0.555	0
0	IL2RG	-0.34248	0.654	0.783	0
0	YWHAZ	-0.34283	0.69	0.824	0
0	MALAT1	-0.34408	1	0.998	7.42E-253
0	HIST1H1E	-0.34675	0.171	0.293	5.03E-231
0	TENT5C	-0.34683	0.084	0.279	0
0	H3F3B	-0.34724	0.956	0.981	0
0	GSTK1	-0.34802	0.695	0.808	0
0	CALM1	-0.35423	0.918	0.963	0
0	SAT1	-0.35524	0.283	0.44	0
0	SRSF7	-0.35640	0.52	0.67	0
0	B2M	-0.36033	1	1	0
0	DNAJB1	-0.36125	0.701	0.816	0
0	LMNA	-0.36406	0.009	0.176	0
0	HLA-A	-0.37624	0.999	0.999	0
0	CSRNP1	-0.37880	0.143	0.348	0
0	TSC22D3	-0.38099	0.912	0.95	0
0	MYL6	-0.38215	0.758	0.863	0
0	ARL4C	-0.38515	0.392	0.574	0

0	GAPDH	-0.39277	0.91	0.954	0
0	IL10RA	-0.39776	0.141	0.364	0
0	FLNA	-0.39947	0.178	0.383	0
0	ANXA2	-0.40402	0.043	0.258	0
0	CST7	-0.41158	0.01	0.146	0
0	GZMA	-0.41271	0.009	0.116	0
0	BTG2	-0.41736	0.345	0.526	0
0	FOSB	-0.42122	0.191	0.393	0
0	COTL1	-0.42609	0.425	0.596	0
0	ARPC1B	-0.42661	0.507	0.689	0
0	S100A6	-0.42686	0.843	0.907	0
0	CLIC1	-0.44664	0.335	0.54	0
0	PFN1	-0.45082	0.983	0.992	0
0	DDIT4	-0.45703	0.287	0.478	0
0	HSPA5	-0.46829	0.485	0.668	0
0	CXCR4	-0.47838	0.749	0.864	0
0	EZR	-0.48520	0.245	0.485	0
0	S100A11	-0.49108	0.131	0.37	0
0	VIM	-0.49847	0.959	0.978	0
0	EMP3	-0.49994	0.62	0.794	0
0	GADD45B	-0.50752	0.265	0.477	0
0	FTH1	-0.51081	0.998	0.999	0
0	SLC2A3	-0.51452	0.415	0.617	0
0	CD99	-0.52465	0.422	0.637	0
0	CD74	-0.53176	0.552	0.679	0
0	ACTB	-0.54092	0.998	0.999	0
0	UBC	-0.54925	0.937	0.981	0
0	NR4A2	-0.55255	0.171	0.416	0
0	RGCC	-0.56036	0.225	0.439	0
0	AL138963.4	-0.57696	0.211	0.314	1.55E-203
0	TAGLN2	-0.58308	0.59	0.776	0
0	CD69	-0.61596	0.532	0.747	0
0	KLRB1	-0.61699	0.043	0.211	0
0	SRGN	-0.65548	0.453	0.696	0
0	ITGB1	-0.66152	0.119	0.415	0
0	ZFP36L2	-0.66514	0.894	0.951	0
0	S100A10	-0.68464	0.644	0.814	0
0	ANXA1	-0.70619	0.381	0.613	0
0	SH3BGRL3	-0.72418	0.896	0.957	0
0	LGALS1	-0.72665	0.088	0.303	0
0	IL32	-0.74282	0.874	0.943	0
0	DUSP2	-0.74588	0.162	0.432	0
0	PPP1R15A	-0.76344	0.502	0.772	0
0	CRIP1	-0.76514	0.739	0.855	0
0	AHNAK	-0.77199	0.236	0.528	0
0	KLF6	-0.83782	0.52	0.771	0
0	TNFAIP3	-0.85839	0.579	0.796	0
0	IER2	-0.90320	0.366	0.658	0
0	DUSP1	-0.95430	0.68	0.88	0
0	CCL5	-0.96571	0.025	0.143	0
0	NFKBIA	-1.04526	0.476	0.717	0

0	JUNB	-1.10047	0.948	0.98	0
0	S100A4	-1.24891	0.705	0.862	0
0	JUN	-1.32506	0.682	0.87	0
0	FOS	-1.41654	0.774	0.912	0
0	ZFP36	-1.47159	0.471	0.78	0
1	KLRB1	1.01175	0.474	0.15	0
1	CRIP1	0.56691	0.944	0.826	0
1	LTB	0.41137	0.992	0.962	0
1	S100A4	0.39406	0.958	0.826	0
1	AQP3	0.34945	0.553	0.383	0
1	ANXA1	0.32491	0.739	0.562	0
1	VIM	0.31262	0.989	0.973	0
1	S100A11	0.29287	0.51	0.316	0
1	TAGLN2	0.27251	0.84	0.74	9.03E-273
1	TTC39C-AS1	0.26033	0.195	0.057	0
1	PLP2	0.24188	0.652	0.513	4.43E-265
1	CCR6	0.23971	0.215	0.073	0
1	TIMP1	0.23706	0.427	0.284	1.24E-283
1	NME2	0.23666	0.736	0.637	2.51E-215
1	EMP3	0.23494	0.868	0.758	4.18E-296
1	LIMS1	0.23445	0.36	0.219	0
1	TRADD	0.22886	0.475	0.325	2.03E-294
1	S100A10	0.21860	0.886	0.779	0
1	ITGB1	0.21616	0.533	0.357	0
1	NPDC1	0.21344	0.228	0.094	0
1	TNFRSF4	0.21260	0.21	0.079	0
1	ARPC1B	0.20983	0.766	0.652	1.30E-226
1	IL7R	0.20933	0.934	0.904	2.75E-130
1	USP10	0.20610	0.354	0.251	3.27E-168
1	MBNL1	-0.20460	0.635	0.71	5.51E-143
1	FUS	-0.21172	0.622	0.702	3.88E-158
1	FOXP1	-0.21248	0.51	0.604	8.45E-149
1	DDX5	-0.21404	0.912	0.941	1.35E-185
1	DUSP1	-0.22031	0.87	0.853	3.68E-39
1	SARAF	-0.22622	0.975	0.985	1.03E-296
1	BTG2	-0.22669	0.438	0.512	1.28E-102
1	GADD45B	-0.22863	0.389	0.459	7.78E-80
1	PIK3IP1	-0.23602	0.483	0.586	8.28E-181
1	ZFP36L2	-0.24140	0.929	0.946	8.28E-102
1	FOSB	-0.25849	0.276	0.381	1.25E-163
1	LEF1	-0.26617	0.425	0.547	1.54E-223
1	CCR7	-0.27888	0.301	0.43	4.93E-233
1	CST7	-0.28795	0.076	0.136	1.64E-96
1	DUSP2	-0.29564	0.349	0.405	7.27E-66
1	ZFP36	-0.33766	0.766	0.737	.00400132217
1	BTG1	-0.34494	0.961	0.985	0
1	GZMA	-0.34751	0.036	0.113	1.74E-179
1	JUNB	-0.37479	0.972	0.977	1.28E-150
1	FOS	-0.42982	0.9	0.894	1.33E-83
1	IER2	-0.43973	0.555	0.63	3.49E-187
1	AL138963.4	-0.44009	0.257	0.308	5.90E-66

1	MALAT1	-0.58868	0.995	0.999	0
1	JUN	-0.71135	0.805	0.852	0
1	CCL5	-0.89599	0.052	0.139	1.51E-203
2	ZFP36	1.54701	0.973	0.709	0
2	FOS	1.38776	0.998	0.881	0
2	JUNB	1.06548	0.999	0.973	0
2	NFKBIA	1.03068	0.933	0.653	0
2	RGCC	0.93742	0.716	0.37	0
2	JUN	0.92054	0.978	0.828	0
2	TNFAIP3	0.91133	0.942	0.745	0
2	DUSP1	0.90792	0.992	0.836	0
2	ZFP36L2	0.85620	0.989	0.937	0
2	PPP1R15A	0.85450	0.969	0.706	0
2	ANXA1	0.75982	0.856	0.546	0
2	FTH1	0.74416	1	0.998	0
2	NR4A2	0.73665	0.691	0.343	0
2	IER2	0.71979	0.865	0.587	0
2	KLF6	0.71835	0.934	0.713	0
2	DDIT4	0.68412	0.716	0.418	0
2	DUSP2	0.67075	0.698	0.356	0
2	LMNA	0.64873	0.441	0.115	0
2	GADD45B	0.61425	0.701	0.415	0
2	SLC2A3	0.61058	0.807	0.562	0
2	CSRNP1	0.61024	0.632	0.28	0
2	VIM	0.59544	0.994	0.973	0
2	HSPA5	0.59544	0.846	0.617	0
2	SRGN	0.56616	0.877	0.636	0
2	S100A4	0.55440	0.963	0.825	0
2	CRIP1	0.54373	0.944	0.826	0
2	CD69	0.52069	0.881	0.697	0
2	ITGB1	0.49570	0.658	0.34	0
2	CITED2	0.47424	0.558	0.339	0
2	AHNAK	0.47282	0.723	0.459	0
2	TSC22D3	0.45879	0.977	0.941	0
2	CXCR4	0.44902	0.938	0.837	0
2	PTGER4	0.44396	0.662	0.412	0
2	TUBB4B	0.44102	0.498	0.235	0
2	UBC	0.43951	0.997	0.973	0
2	TAGLN2	0.43423	0.89	0.733	0
2	BTG2	0.41618	0.695	0.477	0
2	EZR	0.41290	0.668	0.426	0
2	GATA3	0.41194	0.456	0.239	0
2	MYADM	0.40955	0.473	0.249	0
2	H3F3B	0.40899	0.995	0.975	0
2	SOCS3	0.40146	0.488	0.272	0
2	FOSB	0.39950	0.598	0.336	0
2	YPEL5	0.39622	0.7	0.497	0
2	LGALS1	0.39593	0.479	0.247	0
2	COTL1	0.38287	0.774	0.546	0
2	SRSF7	0.37848	0.808	0.63	0
2	S100A10	0.37787	0.912	0.776	0

2	ID2	0.37675	0.403	0.216	0
2	PLP2	0.37446	0.722	0.503	0
2	ARL4C	0.37394	0.731	0.526	0
2	DNAJB1	0.36711	0.897	0.789	0
2	MCL1	0.36173	0.594	0.382	0
2	CDKN1A	0.36009	0.227	0.049	0
2	LDHA	0.34380	0.728	0.531	0
2	TUBA1A	0.33402	0.744	0.561	0
2	ARL4A	0.33100	0.431	0.218	0
2	ZNF331	0.32833	0.39	0.203	0
2	S100A11	0.32726	0.537	0.313	0
2	TRADD	0.31742	0.533	0.318	0
2	IDS	0.31402	0.551	0.342	0
2	HIST1H4C	0.31321	0.677	0.508	0
2	TENT5C	0.30541	0.441	0.229	0
2	EIF1	0.30172	1	1	0
2	SH3BGRL3	0.30023	0.989	0.944	0
2	HERPUD1	0.30015	0.452	0.256	0
2	CYCS	0.29807	0.565	0.374	0
2	ARHGAP15	0.29699	0.644	0.466	0
2	TIMP1	0.29538	0.472	0.278	0
2	GSTK1	0.29333	0.895	0.78	0
2	NR3C1	0.29194	0.473	0.297	0
2	SELENOK	0.29192	0.599	0.409	0
2	TOB1	0.28842	0.461	0.295	0
2	CD99	0.28623	0.786	0.586	0
2	RILPL2	0.28503	0.35	0.166	0
2	ZFP36L1	0.28121	0.512	0.377	2.40E-254
2	EMP3	0.28116	0.886	0.756	0
2	ANXA2	0.28092	0.407	0.207	0
2	LTB	0.27291	0.986	0.962	3.03E-255
2	CD82	0.26993	0.382	0.194	0
2	RGS1	0.26888	0.3	0.157	0
2	SAT1	0.26772	0.56	0.401	0
2	DNAJA1	0.26635	0.447	0.27	0
2	BTG1	0.26608	0.991	0.981	0
2	PTGER2	0.26456	0.379	0.215	0
2	TUBA1B	0.26396	0.636	0.469	0
2	GLIPR1	0.26045	0.39	0.216	0
2	KLF10	0.25591	0.236	0.078	0
2	PDE4D	0.25376	0.287	0.15	0
2	IL10RA	0.25317	0.5	0.314	0
2	HSP90AA1	0.25090	0.885	0.789	6.31E-303
2	SERTAD1	0.25069	0.379	0.205	0
2	YWHAZ	0.25009	0.897	0.795	0
2	JUND	0.24945	0.438	0.27	0
2	SEC61B	0.24902	0.566	0.402	0
2	TUBA4A	0.24786	0.457	0.314	7.47E-290
2	IRF2BP2	0.24458	0.408	0.251	0
2	AQP3	0.24457	0.529	0.386	3.21E-256
2	BHLHE40	0.24445	0.246	0.099	0

2	FXVD5	0.24173	0.992	0.977	0
2	CCNL1	0.23923	0.702	0.551	3.42E-285
2	AREG	0.23676	0.293	0.173	1.28E-267
2	IL32	0.23502	0.973	0.929	0
2	S100A6	0.23422	0.945	0.893	2.79E-297
2	ITM2A	0.23335	0.456	0.323	8.49E-236
2	IL7R	0.23191	0.943	0.903	9.94E-204
2	ARF1	0.22251	0.715	0.564	2.36E-286
2	GAPDH	0.22236	0.979	0.945	0
2	CRIP2	0.22199	0.271	0.144	0
2	SOD2	0.21946	0.396	0.254	1.53E-293
2	TMSB4X	0.21810	1	1	0
2	CALM1	0.21764	0.982	0.954	0
2	ALOX5AP	0.21458	0.418	0.261	0
2	TXN	0.21401	0.428	0.276	9.58E-302
2	CLIC1	0.21398	0.671	0.493	0
2	H2AFX	0.21284	0.267	0.126	0
2	PPIB	0.21269	0.803	0.675	1.85E-249
2	TNFRSF4	0.21262	0.215	0.079	0
2	EML4	0.20941	0.555	0.419	5.50E-230
2	CREM	0.20930	0.288	0.154	0
2	ARPC1B	0.20709	0.791	0.649	1.46E-254
2	NPDC1	0.20625	0.226	0.095	0
2	TTC39C-AS1	0.20552	0.179	0.059	0
2	PIK3R1	0.20432	0.613	0.491	3.13E-178
2	CHMP1B	0.20408	0.299	0.176	3.13E-277
2	IFITM2	0.20360	0.782	0.662	1.60E-204
2	P4HB	0.20333	0.476	0.336	4.81E-249
2	KLF2	0.20222	0.801	0.724	4.95E-141
2	UBB	0.20210	0.83	0.721	6.29E-211
2	MAPK1IP1L	0.20000	0.526	0.383	1.70E-242
2	GIMAP7	-0.20908	0.452	0.529	1.59E-113
2	GAS5	-0.22983	0.89	0.914	3.96E-208
2	LEF1	-0.24060	0.458	0.542	7.42E-150
2	LINC00861	-0.24505	0.327	0.446	2.36E-192
2	PRKCQ-AS1	-0.24812	0.395	0.489	1.07E-150
2	GZMA	-0.25244	0.072	0.107	2.31E-39
2	CD7	-0.25397	0.506	0.603	1.01E-167
2	PNISR	-0.26923	0.462	0.584	1.26E-241
2	SELL	-0.26988	0.52	0.637	1.69E-212
2	CCR7	-0.28709	0.299	0.43	3.02E-241
2	AL138963.4	-0.34716	0.285	0.304	2.92E-17
2	TXNIP	-0.38006	0.919	0.964	0
2	MALAT1	-0.43201	0.997	0.999	0
2	CCL5	-0.79061	0.096	0.133	1.41E-46
3	CD7	0.53927	0.8	0.565	0
3	CCR7	0.51750	0.668	0.382	0
3	NOSIP	0.49192	0.918	0.745	0
3	NDFIP1	0.39858	0.732	0.545	0
3	GIMAP4	0.39705	0.605	0.394	0
3	TCF7	0.38093	0.772	0.586	0

3	UCP2	0.37126	0.72	0.552	0
3	LTB	0.36176	0.996	0.961	0
3	PRKCQ-AS1	0.36018	0.656	0.455	0
3	LEF1	0.35547	0.701	0.51	0
3	GYPC	0.33611	0.716	0.551	0
3	IFITM3	0.33376	0.446	0.25	0
3	LIMD2	0.33123	0.878	0.759	0
3	SARAF	0.32948	0.996	0.982	0
3	SELL	0.32790	0.798	0.601	0
3	BTG1	0.31188	0.996	0.98	0
3	GIMAP1	0.30534	0.565	0.395	0
3	ABLIM1	0.29959	0.539	0.364	0
3	PCED1B	0.29613	0.399	0.225	0
3	OXNAD1	0.29030	0.548	0.378	0
3	GIMAP7	0.28136	0.647	0.503	4.29E-292
3	RGS10	0.28081	0.69	0.539	0
3	PIM1	0.27418	0.559	0.428	8.71E-236
3	ACTN1	0.27408	0.345	0.16	0
3	CAMK4	0.27223	0.606	0.451	0
3	CD27	0.26248	0.611	0.44	0
3	ADTRP	0.25989	0.328	0.163	0
3	AIF1	0.25561	0.287	0.128	0
3	NUCB2	0.25325	0.406	0.242	0
3	LDHB	0.25187	0.985	0.952	0
3	PNRC1	0.24405	0.938	0.891	1.28E-247
3	FAM13A	0.24389	0.205	0.095	0
3	PCED1B-AS1	0.24257	0.92	0.872	1.27E-213
3	SNHG7	0.23816	0.411	0.258	0
3	GIMAP5	0.23375	0.483	0.343	3.65E-251
3	CYTIP	0.23052	0.688	0.573	1.26E-210
3	MLLT3	0.22938	0.366	0.224	0
3	PCBP2	0.22699	0.978	0.951	0
3	LDLRAP1	0.22501	0.438	0.296	1.04E-265
3	FCMR	0.22195	0.622	0.486	1.86E-227
3	LEPROTL1	0.22051	0.807	0.696	1.61E-223
3	CD55	0.22013	0.432	0.306	2.17E-211
3	XBP1	0.21795	0.454	0.335	3.92E-193
3	SH3YL1	0.21529	0.366	0.231	6.08E-264
3	NOP53	0.21492	0.94	0.893	3.06E-245
3	KLF2	0.21437	0.818	0.722	1.92E-185
3	SNHG29	0.21192	0.965	0.925	1.32E-246
3	LBH	0.21056	0.547	0.416	2.02E-204
3	PIK3IP1	0.20915	0.679	0.56	2.22E-196
3	EEF1B2	0.20622	1	0.998	0
3	PSIP1	0.20536	0.57	0.445	2.93E-195
3	CALM3	0.20493	0.588	0.472	1.75E-183
3	C1orf162	0.20232	0.469	0.336	1.27E-203
3	TPT1	-0.20007	1	1	0
3	CYTOR	-0.20173	0.01	0.114	2.88E-293
3	HSP90AA1	-0.20565	0.761	0.806	1.45E-124
3	IDS	-0.20689	0.261	0.381	5.35E-168

3	CD69	-0.20832	0.698	0.723	5.34E-58
3	B2M	-0.20929	1	1	0
3	LGALS3	-0.20985	0.004	0.101	3.67E-284
3	TMA7	-0.21016	0.893	0.933	5.71E-223
3	GAPDH	-0.21079	0.948	0.949	8.32E-109
3	TUBB4B	-0.21189	0.173	0.279	6.44E-155
3	PFN1	-0.21307	0.991	0.991	5.67E-98
3	GATA3	-0.21349	0.185	0.275	3.48E-121
3	PPP2R5C	-0.21432	0.225	0.341	1.80E-169
3	TAGLN2	-0.21576	0.734	0.755	1.15E-60
3	MCL1	-0.21729	0.315	0.42	1.03E-139
3	PPP1R15A	-0.21879	0.692	0.744	1.32E-94
3	NR4A2	-0.22151	0.319	0.394	5.34E-79
3	TENT5C	-0.22343	0.147	0.269	2.74E-203
3	MYH9	-0.22501	0.451	0.546	2.97E-129
3	FOS	-0.22820	0.899	0.894	7.99E-07
3	ANXA5	-0.22903	0.147	0.281	3.24E-238
3	SNHG6	-0.22998	0.78	0.838	1.61E-199
3	FTH1	-0.23053	0.999	0.999	1.05E-139
3	VIM	-0.23085	0.975	0.975	4.19E-101
3	TXN	-0.23205	0.182	0.309	1.06E-210
3	BHLHE40	-0.23342	0.018	0.13	0
3	HLA-A	-0.24085	0.999	0.999	1.12E-253
3	SRSF7	-0.24242	0.583	0.66	1.84E-141
3	GLIPR1	-0.24383	0.123	0.252	3.38E-245
3	EMP3	-0.24395	0.739	0.776	1.43E-130
3	HLA-DRB1	-0.24845	0.012	0.111	3.78E-271
3	IL10RA	-0.25546	0.221	0.351	7.61E-214
3	CD74	-0.26168	0.673	0.661	1.06E-05
3	CLIC1	-0.26432	0.431	0.525	1.21E-147
3	ATP5F1E	-0.26774	0.943	0.968	0
3	SNHG5	-0.27436	0.457	0.586	2.61E-233
3	HLA-C	-0.27502	0.999	1	0
3	COTL1	-0.28178	0.492	0.585	4.90E-163
3	SYNE2	-0.28740	0.274	0.413	3.80E-236
3	IL32	-0.29992	0.942	0.934	9.45E-84
3	FLNA	-0.31268	0.224	0.374	2.76E-280
3	EZR	-0.31493	0.338	0.47	1.29E-239
3	RGS1	-0.31596	0.057	0.19	0
3	HIST1H1E	-0.33308	0.17	0.291	3.08E-204
3	CXCR4	-0.33503	0.816	0.854	1.58E-230
3	LMNA	-0.35260	0.013	0.173	0
3	CD99	-0.35289	0.522	0.622	2.00E-251
3	S100A11	-0.35617	0.205	0.358	0
3	TMSB4X	-0.35820	1	1	0
3	DUSP2	-0.37651	0.329	0.407	1.58E-108
3	DUSP1	-0.37911	0.827	0.859	9.63E-201
3	S100A6	-0.38339	0.858	0.904	0
3	ANXA2	-0.38445	0.052	0.254	0
3	CST7	-0.40424	0.011	0.144	0
3	SRGN	-0.40568	0.581	0.676	1.07E-286

3	TNFAIP3	-0.40973	0.726	0.774	4.50E-195
3	GZMA	-0.40986	0.007	0.115	0
3	CD52	-0.44443	0.982	0.991	0
3	ANXA1	-0.45463	0.493	0.595	1.33E-263
3	KLF6	-0.46497	0.647	0.752	0
3	S100A10	-0.53273	0.724	0.801	0
3	SH3BGRL3	-0.55674	0.931	0.952	0
3	KLRB1	-0.61609	0.037	0.21	0
3	NFKBIA	-0.64749	0.614	0.697	7.65E-303
3	ITGB1	-0.65551	0.115	0.412	0
3	CRIP1	-0.71094	0.765	0.85	0
3	AL138963.4	-0.74392	0.108	0.326	0
3	LGALS1	-0.74992	0.072	0.302	0
3	AHNAK	-0.77582	0.228	0.525	0
3	ZFP36	-0.83904	0.675	0.749	0
3	CCL5	-0.95976	0.022	0.142	0
3	S100A4	-1.26681	0.693	0.861	0
4	JUN	0.94931	0.985	0.832	0
4	EGR1	0.76321	0.339	0.069	0
4	IER2	0.71335	0.829	0.599	0
4	FOS	0.70623	0.995	0.885	0
4	FOSB	0.56272	0.64	0.34	0
4	JUNB	0.50659	0.997	0.974	0
4	HIST1H4C	0.38692	0.69	0.512	0
4	DUSP1	0.30376	0.95	0.845	0
4	GAS5	0.27531	0.964	0.905	0
4	TUBA1A	0.26103	0.7	0.571	2.46E-201
4	EEF1B2	0.23823	1	0.998	0
4	SNHG8	0.23305	0.722	0.605	6.73E-180
4	GADD45B	0.21498	0.566	0.438	6.38E-146
4	PABPC1	0.21424	0.998	0.988	4.64E-298
4	C12orf57	0.21243	0.928	0.871	2.40E-173
4	SERTAD1	0.20646	0.349	0.213	2.32E-230
4	NPM1	0.20278	0.991	0.98	8.60E-244
4	ZFAS1	0.20245	0.83	0.747	8.96E-157
4	ANXA6	-0.20013	0.392	0.488	3.80E-108
4	ALOX5AP	-0.20162	0.187	0.29	6.71E-126
4	HLA-C	-0.20273	0.999	1	1.53E-134
4	PSMB9	-0.20526	0.408	0.507	1.06E-116
4	PSME1	-0.20660	0.763	0.818	5.21E-129
4	ITGA4	-0.20793	0.26	0.338	3.50E-74
4	CYBA	-0.20970	0.595	0.659	2.18E-94
4	HLA-DPB1	-0.21017	0.075	0.173	3.77E-153
4	CAST	-0.21074	0.276	0.39	2.93E-135
4	TXN	-0.21273	0.194	0.306	2.79E-142
4	BHLHE40	-0.21289	0.028	0.127	2.43E-202
4	YWHAQ	-0.21296	0.262	0.369	4.04E-126
4	SPOCK2	-0.21396	0.478	0.571	6.77E-119
4	LSP1	-0.21443	0.671	0.726	5.54E-108
4	CD69	-0.21625	0.688	0.723	7.77E-63
4	IFITM2	-0.21799	0.638	0.681	5.66E-74

4	HLA-DPA1	-0.21821	0.064	0.165	3.04E-169
4	ARPC2	-0.21991	0.63	0.695	4.57E-114
4	CD2	-0.22074	0.421	0.524	2.63E-124
4	AQP3	-0.22132	0.328	0.412	5.25E-89
4	RGCC	-0.22179	0.379	0.416	3.51E-26
4	PPIB	-0.22217	0.626	0.697	6.71E-128
4	HLA-DRB1	-0.22355	0.025	0.108	9.14E-166
4	PPP1CA	-0.22410	0.367	0.476	8.62E-140
4	GLIPR1	-0.22415	0.129	0.249	3.29E-177
4	UCP2	-0.22455	0.51	0.578	7.59E-84
4	GATA3	-0.22581	0.173	0.275	1.07E-125
4	IRF1	-0.22675	0.335	0.423	2.96E-85
4	IL10RA	-0.22953	0.229	0.348	1.07E-150
4	TPM3	-0.22981	0.707	0.768	9.50E-150
4	YWHAB	-0.23332	0.703	0.767	1.42E-153
4	ITGB2	-0.23535	0.478	0.563	3.44E-109
4	LRRFIP1	-0.23817	0.363	0.483	7.99E-158
4	LY6E	-0.23935	0.509	0.597	4.97E-127
4	LCP1	-0.24006	0.444	0.547	7.21E-133
4	SEC61B	-0.24232	0.306	0.434	3.01E-174
4	PPDPF	-0.24491	0.877	0.921	1.05E-211
4	TMSB4X	-0.24771	1	1	0
4	SYNE2	-0.25361	0.291	0.408	3.25E-148
4	CFL1	-0.25908	0.953	0.971	9.99E-225
4	HIST1H1E	-0.25969	0.21	0.285	2.02E-73
4	PLP2	-0.26553	0.422	0.541	2.22E-169
4	CALM1	-0.28197	0.935	0.96	9.82E-270
4	IL7R	-0.29112	0.898	0.909	1.07E-158
4	GSTK1	-0.29701	0.722	0.801	1.66E-235
4	IL2RG	-0.29775	0.684	0.775	1.68E-231
4	LMNA	-0.30849	0.03	0.168	0
4	EZR	-0.30967	0.333	0.468	1.06E-206
4	TNFAIP3	-0.31678	0.754	0.77	8.32E-68
4	HLA-B	-0.31861	1	1	0
4	SRGN	-0.31961	0.6	0.672	6.16E-147
4	FLNA	-0.32182	0.221	0.372	5.11E-244
4	MYL6	-0.32396	0.797	0.856	1.03E-263
4	COTL1	-0.33191	0.472	0.585	8.80E-199
4	ANXA2	-0.33884	0.075	0.247	0
4	CLIC1	-0.35254	0.39	0.527	6.03E-245
4	ARPC1B	-0.35349	0.558	0.677	9.58E-282
4	CD52	-0.35372	0.983	0.991	0
4	GAPDH	-0.36725	0.921	0.952	0
4	AL138963.4	-0.37705	0.278	0.304	4.36E-22
4	CST7	-0.37975	0.021	0.14	1.46E-273
4	HLA-A	-0.38428	0.998	0.999	0
4	ACTB	-0.39020	0.999	0.999	1.51E-291
4	GZMA	-0.39418	0.012	0.113	3.92E-234
4	B2M	-0.39479	1	1	0
4	LTB	-0.40630	0.965	0.965	0
4	S100A6	-0.42414	0.851	0.904	0

4	EMP3	-0.43087	0.667	0.783	0
4	CD99	-0.43871	0.467	0.625	0
4	KLF6	-0.45548	0.663	0.748	5.16E-259
4	PFN1	-0.46297	0.982	0.992	0
4	VIM	-0.47284	0.957	0.977	0
4	S100A11	-0.47333	0.136	0.362	0
4	ITGB1	-0.49301	0.186	0.398	0
4	TAGLN2	-0.50114	0.637	0.764	0
4	KLRB1	-0.55278	0.059	0.204	0
4	CD74	-0.56502	0.544	0.675	0
4	ANXA1	-0.57750	0.438	0.599	0
4	S100A10	-0.59748	0.689	0.803	0
4	AHNAK	-0.61355	0.306	0.511	0
4	SH3BGRL3	-0.67683	0.902	0.954	0
4	LGALS1	-0.69618	0.092	0.295	0
4	IL32	-0.74995	0.853	0.943	0
4	CRIP1	-0.77780	0.736	0.851	0
4	CCL5	-0.94456	0.021	0.14	7.54E-275
4	S100A4	-1.15538	0.72	0.855	0
5	AL138963.4	2.13650	0.967	0.234	0
5	HIST1H1E	1.03905	0.654	0.239	0
5	TPT1	0.63556	1	1	0
5	DDX5	0.44789	0.985	0.932	0
5	AL133415.1	0.37470	0.298	0.074	0
5	HOOK2	0.34001	0.311	0.118	0
5	MAML2	0.30323	0.408	0.223	0
5	BCLAF1	0.28729	0.615	0.469	4.32E-266
5	ETS1	0.28118	0.626	0.496	6.28E-236
5	H1FX	0.26981	0.343	0.206	1.16E-261
5	RCAN3	0.26931	0.592	0.454	3.78E-237
5	EEF2	0.26493	0.999	0.994	0
5	DDX3X	0.26313	0.482	0.341	2.23E-229
5	HIST1H1D	0.25499	0.317	0.191	9.77E-230
5	AHNAK	0.25313	0.559	0.485	1.03E-71
5	CSDE1	0.25132	0.669	0.545	4.87E-221
5	FOXJ3	0.25071	0.252	0.084	0
5	SELL	0.24754	0.719	0.613	5.10E-161
5	TMPO	0.23135	0.343	0.198	8.26E-286
5	HNRNPU	0.23095	0.623	0.509	9.27E-174
5	HIST1H1C	0.22538	0.275	0.146	3.58E-277
5	ITK	0.22218	0.479	0.35	2.81E-185
5	LEF1	0.22144	0.638	0.521	6.16E-161
5	SAMHD1	0.21714	0.584	0.468	3.38E-158
5	IK	0.20980	0.48	0.355	7.26E-170
5	CD55	0.20692	0.434	0.308	9.14E-169
5	PHF3	0.20219	0.471	0.354	4.49E-150
5	SEPTIN9	0.20189	0.708	0.623	2.44E-129
5	MBNL1	0.20148	0.774	0.693	5.55E-139
5	PPDPF	-0.20664	0.894	0.92	7.58E-145
5	MYL6	-0.20950	0.823	0.853	4.67E-105
5	ARPC1B	-0.21483	0.601	0.672	2.80E-93

5	IER2	-0.21988	0.584	0.625	3.70E-36
5	JUN	-0.22249	0.834	0.848	1.31E-15
5	LTB	-0.22250	0.978	0.964	1.25E-92
5	CLIC1	-0.22562	0.434	0.523	5.02E-96
5	HLA-C	-0.23034	0.999	1	9.88E-198
5	FOS	-0.23270	0.89	0.895	2.48E-16
5	ZFP36	-0.23754	0.733	0.742	1.80E-21
5	CD99	-0.23790	0.534	0.618	7.45E-101
5	S100A6	-0.23920	0.883	0.901	8.72E-111
5	EMP3	-0.23992	0.716	0.778	3.88E-130
5	CRIP1	-0.25074	0.819	0.843	1.66E-65
5	GAPDH	-0.25279	0.932	0.951	1.25E-161
5	JUNB	-0.25878	0.963	0.978	1.61E-78
5	S100A10	-0.25991	0.754	0.797	6.63E-99
5	ZFP36L2	-0.26190	0.932	0.945	1.85E-109
5	LGALS1	-0.26331	0.224	0.281	7.28E-40
5	B2M	-0.28415	1	1	0
5	ACTB	-0.30344	0.999	0.999	1.60E-178
5	CD74	-0.31240	0.625	0.667	2.48E-42
5	CST7	-0.33093	0.048	0.137	8.29E-156
5	GZMA	-0.33511	0.034	0.11	2.23E-132
5	DUSP2	-0.34810	0.311	0.407	1.57E-106
5	SH3BGR13	-0.35762	0.937	0.95	6.13E-207
5	S100A4	-0.43144	0.823	0.844	1.32E-123
5	IL32	-0.44028	0.906	0.938	4.62E-302
5	CCL5	-0.86133	0.045	0.137	1.05E-167
6	MALAT1	0.98323	1	0.998	0
6	TXNIP	0.34250	0.989	0.956	2.72E-239
6	PRKCQ-AS1	0.32111	0.627	0.467	3.97E-212
6	CCR7	0.31496	0.582	0.402	1.02E-244
6	PNISR	0.28172	0.683	0.561	1.01E-168
6	LINC00861	0.28089	0.552	0.423	6.33E-150
6	TCF7	0.27048	0.728	0.599	4.05E-169
6	DDX17	0.26325	0.536	0.399	2.33E-162
6	TSHZ2	0.25382	0.401	0.25	2.57E-194
6	LUC7L3	0.24519	0.341	0.198	8.49E-206
6	LEF1	0.24355	0.647	0.524	8.59E-135
6	GIMAP7	0.22669	0.613	0.513	1.93E-100
6	N4BP2L2	0.22390	0.537	0.413	2.29E-122
6	NDFIP1	0.22170	0.651	0.56	2.74E-100
6	PIK3IP1	0.21651	0.659	0.567	4.11E-92
6	CAMK4	0.21028	0.564	0.462	7.34E-95
6	CD7	0.20920	0.692	0.584	1.81E-97
6	NOSIP	0.20841	0.842	0.759	2.32E-109
6	MBNL1	0.20587	0.755	0.696	2.73E-85
6	TGFBR2	0.20541	0.337	0.22	1.39E-130
6	SELL	0.20323	0.738	0.615	1.73E-108
6	OXNAD1	0.20001	0.497	0.39	1.11E-93
6	PGAM1	-0.20088	0.214	0.344	8.05E-122
6	ARPC3	-0.20261	0.66	0.76	8.20E-100
6	ITM2A	-0.20351	0.244	0.346	1.90E-78

6	MYO1G	-0.20558	0.142	0.268	3.46E-129
6	PPP1R18	-0.20601	0.147	0.277	7.55E-134
6	SEC61G	-0.20608	0.33	0.461	9.45E-115
6	TUBA1B	-0.20838	0.378	0.497	1.83E-94
6	OPTN	-0.20865	0.183	0.314	2.16E-127
6	GUK1	-0.20974	0.394	0.526	1.08E-115
6	MAPK1IP1L	-0.21175	0.274	0.41	1.07E-123
6	CYCS	-0.21637	0.269	0.406	5.66E-126
6	TPI1	-0.21718	0.387	0.516	2.86E-114
6	PMAIP1	-0.21855	0.025	0.127	7.34E-151
6	EIF4A1	-0.22128	0.532	0.652	7.44E-113
6	PLP2	-0.22132	0.436	0.536	1.60E-83
6	ARHGDI1	-0.22141	0.354	0.493	9.64E-128
6	ALDOA	-0.22306	0.422	0.557	1.30E-122
6	ITGB2	-0.22408	0.456	0.562	6.33E-84
6	ARF1	-0.22434	0.453	0.591	2.90E-132
6	TPM3	-0.22436	0.666	0.769	1.85E-115
6	HLA-DPB1	-0.22553	0.061	0.171	1.26E-138
6	SEC61B	-0.22691	0.299	0.431	2.93E-120
6	HLA-DPA1	-0.22709	0.054	0.163	3.63E-140
6	LY6E	-0.22727	0.481	0.597	5.56E-102
6	MCL1	-0.23198	0.294	0.416	1.04E-104
6	BHLHE40	-0.23303	0.012	0.125	1.67E-187
6	IDS	-0.23476	0.245	0.377	1.51E-126
6	CALR	-0.23626	0.431	0.564	7.80E-117
6	HLA-DRB1	-0.23748	0.013	0.106	2.94E-149
6	LCP1	-0.23833	0.425	0.545	1.85E-107
6	ALOX5AP	-0.23885	0.155	0.289	5.28E-144
6	ARL4A	-0.24087	0.108	0.254	4.88E-179
6	ARPC2	-0.24341	0.579	0.697	1.88E-123
6	SERTAD1	-0.24382	0.086	0.236	3.59E-198
6	ANXA5	-0.24419	0.13	0.275	1.13E-171
6	PPIB	-0.24570	0.578	0.698	2.24E-131
6	LSP1	-0.24570	0.617	0.729	1.32E-120
6	PTGER2	-0.24642	0.103	0.244	3.45E-172
6	CORO1B	-0.24841	0.27	0.408	1.26E-130
6	NME2	-0.25152	0.534	0.657	3.31E-131
6	HLA-B	-0.25221	1	1	1.25E-272
6	TRADD	-0.25278	0.203	0.354	1.75E-161
6	YWHAZ	-0.26168	0.708	0.814	6.45E-158
6	GLIPR1	-0.26231	0.101	0.247	2.20E-186
6	UBB	-0.26665	0.613	0.743	3.85E-156
6	SELENOK	-0.26792	0.277	0.444	1.21E-183
6	TXN	-0.26862	0.149	0.305	5.97E-187
6	IL2RG	-0.26874	0.66	0.774	4.85E-146
6	ACTG1	-0.26881	0.97	0.98	3.97E-127
6	SAT1	-0.26912	0.311	0.428	8.55E-103
6	SRSF7	-0.27067	0.538	0.659	6.03E-128
6	H3F3B	-0.27163	0.961	0.979	6.14E-168
6	HERPUD1	-0.27225	0.136	0.29	1.27E-186
6	PTGER4	-0.27325	0.304	0.452	1.14E-145

6	ARL4C	-0.27449	0.419	0.561	7.78E-143
6	HSP90AA1	-0.27739	0.703	0.808	7.61E-156
6	TIMP1	-0.27838	0.162	0.312	7.82E-174
6	YPEL5	-0.27876	0.385	0.532	2.26E-145
6	GSTK1	-0.28057	0.698	0.8	6.99E-154
6	PPP1CA	-0.28086	0.317	0.476	4.26E-180
6	TUBA1A	-0.28101	0.446	0.593	1.65E-146
6	YWHAQ	-0.28156	0.209	0.369	1.77E-185
6	MYADM	-0.28318	0.137	0.286	3.10E-176
6	HIST1H4C	-0.28423	0.397	0.538	1.55E-143
6	CYBA	-0.28483	0.52	0.662	1.93E-163
6	CFL1	-0.28496	0.947	0.971	6.18E-202
6	ID2	-0.28624	0.112	0.248	6.29E-160
6	DNAJB1	-0.28682	0.708	0.808	1.24E-150
6	SLC2A3	-0.29003	0.48	0.6	9.26E-114
6	GATA3	-0.29109	0.131	0.275	9.18E-173
6	IFITM2	-0.29926	0.567	0.685	8.22E-136
6	HLA-C	-0.30082	1	0.999	1.33E-279
6	FLNA	-0.30151	0.215	0.367	2.32E-170
6	B2M	-0.30376	1	1	0
6	IL10RA	-0.30457	0.18	0.347	8.49E-207
6	CALM1	-0.30531	0.934	0.959	1.87E-230
6	HIST1H1E	-0.31011	0.175	0.285	2.22E-103
6	CXCR4	-0.31128	0.793	0.854	3.02E-131
6	LDHA	-0.31420	0.399	0.566	1.65E-206
6	TENT5C	-0.31424	0.089	0.267	1.96E-261
6	CITED2	-0.31593	0.229	0.375	1.36E-154
6	HLA-A	-0.32061	0.999	0.999	0
6	TUBB4B	-0.33012	0.096	0.279	1.48E-268
6	EIF1	-0.33017	0.999	1	0
6	CD52	-0.33081	0.985	0.99	4.14E-233
6	LMNA	-0.34138	0.009	0.165	1.84E-283
6	RGS1	-0.34401	0.037	0.184	2.26E-234
6	FOSB	-0.35725	0.196	0.38	2.30E-233
6	MYL6	-0.36033	0.759	0.857	1.04E-241
6	TMSB4X	-0.36091	1	1	0
6	DDIT4	-0.36752	0.302	0.465	4.66E-182
6	ARPC1B	-0.37674	0.51	0.677	2.62E-252
6	S100A6	-0.37896	0.839	0.903	3.47E-212
6	TSC22D3	-0.37944	0.913	0.948	3.84E-225
6	ANXA2	-0.37959	0.044	0.244	0
6	CST7	-0.38814	0.01	0.137	4.00E-221
6	GZMA	-0.39091	0.009	0.11	1.30E-169
6	CSRNP1	-0.39974	0.121	0.337	0
6	EZR	-0.40393	0.269	0.468	3.64E-280
6	EMP3	-0.40760	0.637	0.781	1.08E-282
6	PFN1	-0.42880	0.987	0.992	0
6	COTL1	-0.42944	0.397	0.587	1.34E-286
6	ACTB	-0.43393	0.999	0.999	1.03E-303
6	CLIC1	-0.43760	0.317	0.528	0
6	S100A11	-0.43874	0.14	0.355	0

6	VIM	-0.44212	0.966	0.976	0
6	GAPDH	-0.45000	0.899	0.952	0
6	ZFP36L2	-0.45567	0.926	0.945	8.65E-226
6	CD99	-0.46368	0.43	0.623	0
6	RGCC	-0.46469	0.26	0.423	6.07E-207
6	CD69	-0.47527	0.562	0.731	2.95E-295
6	GADD45B	-0.49147	0.258	0.464	9.43E-299
6	NR4A2	-0.50720	0.175	0.4	0
6	CD74	-0.52063	0.531	0.672	2.35E-201
6	UBC	-0.53824	0.946	0.978	0
6	ITGB1	-0.56131	0.14	0.395	0
6	KLRB1	-0.56991	0.047	0.2	1.06E-243
6	TAGLN2	-0.59069	0.577	0.765	0
6	HSPA5	-0.59759	0.448	0.659	0
6	IL32	-0.60513	0.902	0.937	0
6	FTH1	-0.61359	0.996	0.999	0
6	AL138963.4	-0.61707	0.164	0.311	2.74E-189
6	S100A10	-0.64020	0.635	0.804	0
6	AHNAK	-0.64666	0.263	0.508	0
6	SRGN	-0.64962	0.43	0.682	0
6	SH3BGRL3	-0.65251	0.909	0.952	0
6	ANXA1	-0.67494	0.372	0.599	0
6	LGALS1	-0.69051	0.083	0.289	0
6	DUSP2	-0.70429	0.158	0.415	0
6	KLF6	-0.71169	0.556	0.753	0
6	TNFAIP3	-0.72575	0.61	0.78	0
6	CRIP1	-0.76691	0.734	0.848	0
6	IER2	-0.81486	0.363	0.639	0
6	PPP1R15A	-0.89174	0.448	0.759	0
6	CCL5	-0.92395	0.021	0.136	5.12E-186
6	DUSP1	-0.98375	0.67	0.868	0
6	JUNB	-0.99020	0.953	0.978	0
6	NFKBIA	-1.14393	0.438	0.705	0
6	S100A4	-1.15424	0.742	0.849	0
6	JUN	-1.33626	0.693	0.857	0
6	FOS	-1.34924	0.772	0.904	0
6	ZFP36	-1.40824	0.485	0.759	0
7	GZMK	2.02015	0.799	0.028	0
7	CCL5	1.79802	0.794	0.091	0
7	NFKBIA	1.12621	0.887	0.676	0
7	DUSP2	1.06900	0.738	0.379	0
7	ZFP36	0.98334	0.916	0.731	0
7	GZMA	0.94185	0.558	0.078	0
7	JUN	0.93531	0.948	0.841	0
7	TNFAIP3	0.76001	0.904	0.761	0
7	LYAR	0.71350	0.523	0.121	0
7	DUSP1	0.69182	0.957	0.849	0
7	FOS	0.68785	0.964	0.891	0
7	CST7	0.66586	0.497	0.108	0
7	CXCR4	0.64361	0.95	0.844	0
7	KLF6	0.62963	0.906	0.73	0

7	IER2	0.60099	0.787	0.612	0
7	CD74	0.58801	0.814	0.654	0
7	GADD45B	0.56282	0.633	0.44	8.98E-288
7	ZFP36L2	0.52234	0.979	0.942	0
7	S100A4	0.51596	0.952	0.836	0
7	CD69	0.51112	0.844	0.713	2.08E-278
7	IL32	0.50281	0.989	0.932	0
7	AHNAK	0.49064	0.719	0.479	0
7	BHLHE40	0.46053	0.336	0.105	0
7	ANXA1	0.44696	0.78	0.573	0
7	CD99	0.43470	0.816	0.599	0
7	S100A10	0.42250	0.906	0.786	0
7	SH3BGRL3	0.41494	0.992	0.947	0
7	SRGN	0.41408	0.823	0.656	6.69E-290
7	RGCC	0.39715	0.553	0.404	2.79E-159
7	NR4A2	0.39683	0.557	0.376	1.17E-223
7	JUNB	0.38668	0.992	0.975	3.93E-213
7	ID2	0.37843	0.395	0.23	4.90E-213
7	HLA-B	0.37320	1	1	0
7	HCST	0.37054	0.83	0.705	3.94E-241
7	HLA-A	0.37001	1	0.999	0
7	PPP1R15A	0.36944	0.868	0.731	2.53E-213
7	SYNE2	0.36313	0.573	0.387	2.17E-234
7	KLRB1	0.36106	0.325	0.183	3.07E-163
7	B2M	0.35918	1	1	0
7	H3F3B	0.33965	0.992	0.977	7.24E-253
7	UBC	0.33506	0.992	0.975	0
7	HLA-C	0.33384	1	0.999	0
7	TSC22D3	0.33243	0.972	0.944	3.01E-179
7	S100A11	0.33169	0.518	0.331	2.04E-216
7	COTL1	0.32271	0.719	0.566	4.36E-181
7	CTSW	0.31740	0.426	0.233	1.74E-268
7	CDKN1A	0.31199	0.209	0.063	0
7	ARL4C	0.30979	0.679	0.544	1.91E-153
7	CXCR3	0.30759	0.25	0.058	0
7	TMSB4X	0.30466	1	1	0
7	PFN1	0.30429	0.998	0.991	0
7	DNAJB1	0.29982	0.864	0.798	4.03E-143
7	MYADM	0.29695	0.417	0.269	3.15E-156
7	IL7R	0.29647	0.933	0.906	2.59E-134
7	ITGA4	0.29618	0.486	0.322	2.23E-170
7	IL10RA	0.29607	0.514	0.327	2.20E-214
7	HOPX	0.29367	0.225	0.062	0
7	BTG1	0.28253	0.99	0.981	2.57E-161
7	TAGLN2	0.27946	0.844	0.747	1.21E-128
7	RGS1	0.27549	0.309	0.167	1.33E-174
7	LMNA	0.27389	0.314	0.146	6.35E-260
7	CLIC1	0.27333	0.652	0.507	8.93E-142
7	CALM1	0.27070	0.984	0.956	5.73E-212
7	TNF	0.26761	0.17	0.059	4.02E-253
7	CSRNP1	0.26473	0.467	0.315	2.17E-146

7	MCL1	0.26302	0.527	0.402	2.87E-109
7	PMAIP1	0.26097	0.245	0.113	1.72E-208
7	FTH1	0.26087	1	0.999	2.53E-197
7	GZMM	0.26083	0.498	0.339	1.47E-161
7	TENT5C	0.26037	0.41	0.246	3.29E-183
7	TUBB4B	0.25920	0.4	0.26	1.55E-137
7	ITGB1	0.24307	0.518	0.371	7.80E-112
7	MYL6	0.24127	0.911	0.847	7.10E-141
7	SRSF7	0.24078	0.734	0.647	1.00E-89
7	EMP3	0.23946	0.859	0.767	4.74E-127
7	GAPDH	0.23912	0.975	0.947	4.58E-153
7	S100A6	0.23551	0.943	0.897	1.12E-135
7	ANXA2	0.23492	0.393	0.222	1.96E-194
7	CD52	0.23459	0.996	0.99	5.03E-161
7	EZR	0.23050	0.587	0.448	5.35E-112
7	BTG2	0.22903	0.587	0.499	1.18E-64
7	KLF10	0.22732	0.226	0.09	7.76E-262
7	PPIB	0.22431	0.778	0.686	2.29E-102
7	IRF1	0.22336	0.498	0.41	1.82E-49
7	GBP5	0.22117	0.319	0.182	8.27E-155
7	CRIP1	0.21887	0.91	0.837	8.63E-105
7	STOM	0.21686	0.238	0.088	0
7	GUK1	0.21588	0.629	0.511	7.11E-101
7	KLRG1	0.21404	0.226	0.095	3.90E-233
7	YWHAQ	0.21318	0.479	0.352	4.08E-101
7	PARP8	0.21069	0.349	0.224	2.57E-120
7	IL2RG	0.20873	0.838	0.763	1.91E-85
7	IFNG-AS1	0.20623	0.144	0.013	0
7	HSPA5	0.20417	0.73	0.64	9.02E-66
7	EMB	0.20263	0.444	0.324	2.36E-92
7	PIM2	-0.20052	0.327	0.44	7.96E-69
7	ACTN1	-0.20226	0.059	0.187	2.56E-137
7	EIF3H	-0.20472	0.716	0.798	3.97E-86
7	SARAF	-0.20497	0.973	0.984	1.17E-109
7	EIF3L	-0.20909	0.653	0.74	1.08E-82
7	RACK1	-0.20947	1	1	1.46E-230
7	AIF1	-0.21167	0.032	0.153	6.90E-143
7	TRABD2A	-0.21493	0.139	0.274	1.42E-117
7	ST13	-0.21557	0.489	0.601	3.19E-84
7	PIK3IP1	-0.21701	0.467	0.579	1.90E-78
7	USP10	-0.21781	0.163	0.27	2.32E-79
7	EIF2S3	-0.21968	0.435	0.552	4.35E-88
7	CD55	-0.22209	0.197	0.327	1.08E-99
7	OXNAD1	-0.22406	0.275	0.404	3.12E-93
7	ABLIM1	-0.22453	0.269	0.39	5.38E-86
7	PABPC1	-0.22665	0.985	0.989	1.41E-147
7	TPT1	-0.22680	1	1	2.68E-268
7	LDHB	-0.23098	0.925	0.958	1.00E-131
7	ADTRP	-0.24739	0.042	0.19	2.06E-180
7	IL6ST	-0.25605	0.132	0.285	1.93E-149
7	NACA	-0.26313	1	1	0

7	FHIT	-0.26431	0.067	0.23	6.22E-191
7	NPM1	-0.26442	0.963	0.982	2.40E-192
7	EIF3E	-0.27097	0.693	0.796	4.12E-139
7	TCF7	-0.27661	0.492	0.614	1.83E-109
7	EEF1G	-0.28593	0.992	0.996	1.51E-284
7	EEF1B2	-0.28794	0.997	0.998	5.18E-276
7	C1orf162	-0.30232	0.169	0.361	9.61E-197
7	SNHG29	-0.30392	0.878	0.932	1.48E-189
7	NDFIP1	-0.32477	0.405	0.575	4.44E-176
7	GAS5	-0.33507	0.849	0.914	1.82E-216
7	TSHZ2	-0.33668	0.068	0.271	9.27E-263
7	MAL	-0.34114	0.406	0.606	1.14E-201
7	NOSIP	-0.34325	0.652	0.771	1.18E-161
7	NKG7	-0.36708	0.181	0.063	3.26E-240
7	CD7	-0.36751	0.422	0.601	1.05E-181
7	CCR7	-0.38849	0.214	0.425	2.28E-241
7	LEF1	-0.40446	0.332	0.543	1.09E-252
7	PRKCQ-AS1	-0.42132	0.269	0.489	3.48E-263
7	SELL	-0.42562	0.387	0.636	2.43E-290
8	FOXP3	1.07105	0.568	0.019	0
8	IL32	1.05815	0.99	0.932	0
8	CD74	0.95944	0.796	0.656	0
8	RGS1	0.92710	0.565	0.154	0
8	PMAIP1	0.86764	0.469	0.102	0
8	HLA-DRB1	0.77226	0.396	0.085	0
8	RTKN2	0.73979	0.401	0.035	0
8	DUSP4	0.70339	0.369	0.057	0
8	SAT1	0.69525	0.635	0.409	0
8	IL10RA	0.65614	0.644	0.32	0
8	EZR	0.64254	0.717	0.441	0
8	S100A4	0.64191	0.969	0.836	0
8	GBP5	0.63587	0.487	0.173	0
8	TIGIT	0.63273	0.414	0.053	0
8	ARID5B	0.60644	0.664	0.377	0
8	S100A10	0.57533	0.916	0.786	0
8	ACTB	0.56734	1	0.999	0
8	CYTOR	0.56109	0.379	0.088	0
8	LGALS3	0.54393	0.346	0.077	0
8	UBC	0.53675	0.996	0.975	0
8	HLA-A	0.53582	1	0.999	0
8	LSP1	0.51606	0.853	0.714	0
8	HLA-DPA1	0.51330	0.386	0.143	0
8	STAM	0.51122	0.385	0.075	0
8	TENT5C	0.49501	0.509	0.242	0
8	KLF6	0.48826	0.868	0.733	1.92E-271
8	FCMR	0.48012	0.705	0.49	0
8	SRGN	0.47906	0.811	0.658	1.41E-284
8	HLA-DPB1	0.47780	0.377	0.152	0
8	GAPDH	0.47563	0.983	0.947	0
8	ANXA2	0.46306	0.478	0.218	0
8	SH3BGRL3	0.46166	0.982	0.947	0

8	CTLA4	0.45302	0.294	0.055	0
8	HLA-DRA	0.44692	0.209	0.026	0
8	ISG20	0.44456	0.706	0.523	2.34E-297
8	TNFRSF1B	0.44289	0.412	0.155	0
8	PFN1	0.42557	0.998	0.991	0
8	YWHAB	0.42054	0.862	0.756	1.71E-292
8	HLA-DQB1	0.41364	0.262	0.047	0
8	CD27	0.41216	0.642	0.45	2.69E-269
8	LGALS1	0.41035	0.431	0.268	8.79E-169
8	IL2RA	0.40574	0.284	0.055	0
8	ARHGDIB	0.40143	0.988	0.976	0
8	USP15	0.39901	0.565	0.374	5.63E-264
8	CLIC1	0.39865	0.683	0.505	5.09E-245
8	TMSB4X	0.38799	1	1	0
8	UCP2	0.38686	0.694	0.565	2.80E-152
8	DUSP1	0.38433	0.922	0.852	1.11E-178
8	MIR4435-2HG	0.37819	0.241	0.039	0
8	HERPUD1	0.37230	0.458	0.271	7.29E-245
8	OAZ1	0.36249	0.89	0.816	1.24E-223
8	IKZF2	0.35648	0.238	0.013	0
8	B2M	0.35504	1	1	0
8	SELPLG	0.35330	0.581	0.426	1.41E-183
8	DOK2	0.35135	0.423	0.232	2.45E-273
8	PELI1	0.34838	0.384	0.191	0
8	BTG2	0.34633	0.612	0.498	1.07E-111
8	CCM2	0.34591	0.382	0.172	0
8	ACTG1	0.34561	0.99	0.979	1.10E-138
8	HLA-DRB5	0.34541	0.225	0.039	0
8	CD52	0.34350	0.996	0.99	6.18E-248
8	EVL	0.33188	0.865	0.782	4.53E-191
8	SYNE2	0.32953	0.54	0.39	2.11E-147
8	RHOG	0.32752	0.558	0.388	2.36E-194
8	GBP2	0.32658	0.366	0.194	1.12E-242
8	SAMHD1	0.32550	0.617	0.471	1.29E-157
8	ITGB1	0.32289	0.567	0.369	2.37E-195
8	TTC39C	0.32233	0.487	0.326	5.66E-175
8	CXCR4	0.32011	0.905	0.847	1.88E-141
8	TTN	0.31740	0.252	0.101	8.06E-292
8	H3F3A	0.31498	0.882	0.827	2.62E-156
8	RAC2	0.31354	0.91	0.858	6.91E-169
8	SKAP1	0.30989	0.551	0.399	3.01E-166
8	DDX5	0.30945	0.967	0.936	3.76E-197
8	DUSP10	0.30910	0.233	0.045	0
8	SMCHD1	0.30885	0.64	0.512	6.31E-134
8	PBXIP1	0.30529	0.577	0.422	3.62E-153
8	NCF4	0.30322	0.244	0.049	0
8	SELL	0.29789	0.722	0.618	1.46E-100
8	CARD16	0.29764	0.402	0.245	7.38E-184
8	CORO1A	0.29704	0.938	0.896	3.90E-142
8	ARPC1B	0.29559	0.755	0.661	5.28E-112
8	CLDND1	0.28931	0.386	0.22	5.02E-204

8	JUN	0.28458	0.905	0.843	7.73E-76
8	BIRC3	0.28281	0.402	0.245	4.54E-174
8	SUB1	0.27973	0.723	0.614	5.28E-127
8	PPP1R15A	0.27962	0.838	0.733	1.67E-110
8	OPTN	0.27822	0.454	0.297	4.48E-161
8	BATF	0.27758	0.264	0.104	0
8	HCLS1	0.27745	0.708	0.598	1.38E-128
8	GSTK1	0.27723	0.855	0.79	3.79E-127
8	SUMO2	0.27165	0.817	0.736	9.29E-138
8	EIF1	0.27105	1	1	4.40E-301
8	DNAJB1	0.26988	0.874	0.798	3.05E-129
8	JUNB	0.26755	0.987	0.976	6.24E-86
8	HSPA8	0.26742	0.956	0.924	4.78E-140
8	CDKN1B	0.26692	0.584	0.459	3.24E-108
8	NIBAN1	0.26644	0.239	0.073	0
8	PIK3R1	0.26610	0.605	0.5	4.13E-90
8	IER2	0.26477	0.72	0.616	3.27E-74
8	RHOH	0.26460	0.579	0.463	1.40E-102
8	EMP3	0.26413	0.854	0.768	6.03E-126
8	ALDOA	0.26266	0.656	0.542	1.66E-107
8	CFL1	0.26218	0.984	0.968	8.31E-173
8	CCR6	0.25740	0.221	0.084	2.60E-271
8	LIME1	0.25664	0.763	0.694	1.20E-80
8	RCSD1	0.25638	0.517	0.381	2.20E-119
8	CD44	0.25593	0.726	0.63	1.84E-100
8	PRDM1	0.25515	0.256	0.117	9.20E-219
8	GLRX	0.25451	0.332	0.201	1.27E-139
8	TSC22D3	0.25352	0.968	0.944	1.03E-101
8	YWHAZ	0.25335	0.871	0.804	1.24E-126
8	CD2	0.25239	0.609	0.509	2.63E-78
8	LMNA	0.24979	0.285	0.148	6.92E-168
8	SLFN5	0.24857	0.398	0.274	5.45E-107
8	TBC1D4	0.24821	0.21	0.073	0
8	HMGB2	0.24772	0.42	0.287	8.14E-120
8	H3F3B	0.24682	0.991	0.977	4.27E-129
8	IL2RB	0.24673	0.241	0.076	0
8	MYL6	0.24527	0.887	0.848	8.57E-99
8	PYHIN1	0.24303	0.271	0.117	1.24E-264
8	SRSF5	0.24300	0.888	0.826	1.42E-115
8	PTMA	0.24251	1	1	4.75E-238
8	CORO1B	0.24226	0.499	0.394	1.13E-76
8	SRSF3	0.24226	0.618	0.517	3.96E-88
8	JAK1	0.23885	0.714	0.619	2.12E-91
8	CD247	0.23705	0.584	0.476	7.96E-84
8	F5	0.23678	0.172	0.031	0
8	HLA-C	0.23569	1	0.999	4.04E-192
8	CALM1	0.23485	0.972	0.957	1.07E-135
8	EPC1	0.23309	0.698	0.6	1.87E-89
8	TAGLN2	0.23220	0.829	0.748	1.82E-76
8	EIF3A	0.23181	0.472	0.35	7.82E-95
8	ARPC2	0.23161	0.763	0.685	3.18E-87

8	PPP1R18	0.23142	0.394	0.262	7.60E-120
8	EID1	0.23003	0.629	0.511	2.38E-94
8	ATP2B1	0.22918	0.29	0.16	1.88E-152
8	TUBB4B	0.22875	0.384	0.261	4.25E-98
8	FCRL3	0.22802	0.148	0.01	0
8	ARPC3	0.22677	0.808	0.75	5.73E-82
8	LCK	0.22631	0.742	0.661	3.14E-80
8	HLA-E	0.22608	0.995	0.989	8.49E-140
8	ANXA5	0.22563	0.394	0.259	4.51E-120
8	PPIA	0.22521	0.979	0.961	2.21E-132
8	FAS	0.22439	0.234	0.093	4.05E-267
8	TPR	0.22348	0.485	0.41	1.44E-44
8	HSP90AA1	0.22222	0.857	0.798	2.87E-83
8	MAPK1IP1L	0.21908	0.512	0.395	5.55E-89
8	RAD21	0.21906	0.513	0.395	4.03E-89
8	IL2RG	0.21733	0.805	0.764	7.35E-64
8	SQSTM1	0.21504	0.459	0.346	4.18E-82
8	TOX	0.21221	0.163	0.031	0
8	GMFG	0.21208	0.821	0.767	6.40E-67
8	SCAND1	0.21145	0.573	0.482	1.22E-66
8	S100A6	0.21069	0.929	0.898	5.22E-78
8	C12orf75	0.21061	0.27	0.134	8.77E-180
8	FTH1	0.20931	1	0.999	1.39E-147
8	RNF214	0.20872	0.251	0.119	6.57E-194
8	LIMD2	0.20868	0.824	0.77	4.72E-61
8	BUB3	0.20642	0.421	0.299	9.39E-97
8	CDC25B	0.20605	0.471	0.36	2.21E-78
8	TMSB10	0.20574	1	1	6.56E-97
8	PTGES3	0.20566	0.677	0.588	3.43E-73
8	TLE5	0.20456	0.854	0.822	1.88E-60
8	SRSF7	0.20409	0.725	0.648	5.24E-61
8	CD53	0.20408	0.538	0.443	9.77E-66
8	BTG3	0.20354	0.23	0.098	3.13E-224
8	MAD1L1	0.20187	0.37	0.244	3.56E-110
8	MAT2B	0.20168	0.435	0.318	2.81E-88
8	AC133644.2	0.20044	0.148	0.032	0
8	ARMH1	-0.20090	0.05	0.176	2.65E-132
8	SERP1	-0.20537	0.62	0.716	3.89E-76
8	HINT1	-0.21069	0.903	0.949	2.79E-105
8	SNHG8	-0.21086	0.516	0.621	1.76E-68
8	BHLHE40	-0.21095	0.022	0.122	5.35E-113
8	AL138963.4	-0.21177	0.272	0.303	2.44E-05
8	CD55	-0.21344	0.205	0.326	5.35E-84
8	NOP53	-0.21352	0.842	0.901	6.02E-96
8	CD6	-0.21601	0.293	0.431	2.35E-94
8	NSA2	-0.21750	0.531	0.641	1.78E-80
8	THEMIS	-0.21775	0.044	0.188	7.70E-164
8	CD48	-0.21778	0.756	0.838	1.04E-92
8	GIMAP5	-0.22209	0.224	0.366	2.76E-104
8	EIF3E	-0.22384	0.712	0.795	1.78E-93
8	OXNAD1	-0.22608	0.276	0.403	6.06E-88

8	NUCB2	-0.22852	0.127	0.268	3.08E-123
8	GPSM3	-0.23091	0.738	0.839	4.21E-120
8	TNFAIP3	-0.23115	0.751	0.77	2.10E-19
8	AIF1	-0.23150	0.022	0.153	1.16E-159
8	USP10	-0.23154	0.16	0.269	1.77E-80
8	ID2	-0.23566	0.132	0.244	6.82E-84
8	GZMM	-0.24225	0.208	0.354	7.49E-114
8	SCML4	-0.24436	0.079	0.239	4.94E-169
8	ARHGAP15	-0.24794	0.362	0.494	4.83E-97
8	TSHZ2	-0.25162	0.121	0.267	1.65E-132
8	FAU	-0.25409	1	1	0
8	INPP4B	-0.25624	0.237	0.403	7.70E-135
8	AREG	-0.25996	0.06	0.194	1.94E-140
8	IFITM3	-0.26146	0.135	0.279	1.13E-127
8	GIMAP7	-0.26193	0.372	0.527	2.52E-116
8	TRABD2A	-0.26227	0.111	0.275	1.13E-165
8	SLC40A1	-0.26408	0.026	0.177	8.44E-190
8	TC2N	-0.27355	0.171	0.346	1.82E-164
8	RBMS1	-0.27473	0.096	0.273	4.02E-192
8	PTGER4	-0.27920	0.289	0.45	2.37E-125
8	MGAT4A	-0.28020	0.309	0.492	8.91E-158
8	CCND3	-0.28576	0.547	0.701	5.42E-155
8	XBP1	-0.28771	0.181	0.357	1.95E-164
8	TOMM7	-0.28884	0.968	0.988	3.02E-238
8	PLAC8	-0.29312	0.087	0.275	1.66E-210
8	NELL2	-0.30170	0.036	0.219	1.78E-235
8	CTSW	-0.30338	0.103	0.25	1.78E-141
8	GZMA	-0.30480	0.04	0.106	4.78E-56
8	EEF1A1	-0.30953	1	1	0
8	PIM1	-0.31224	0.291	0.451	1.85E-138
8	SATB1	-0.32187	0.089	0.289	5.36E-234
8	GAS5	-0.32521	0.837	0.915	1.14E-203
8	PRKCQ-AS1	-0.32569	0.31	0.487	1.36E-157
8	CD7	-0.34051	0.451	0.599	8.85E-139
8	CCR7	-0.34202	0.24	0.423	6.27E-176
8	ABLIM1	-0.34373	0.2	0.394	8.28E-200
8	SNHG29	-0.34486	0.854	0.933	1.21E-233
8	EEF1G	-0.34558	0.99	0.996	0
8	FOS	-0.34732	0.887	0.895	5.03E-48
8	ZFP36L2	-0.37530	0.898	0.946	1.08E-148
8	IFITM1	-0.40250	0.896	0.988	0
8	C1orf162	-0.40329	0.12	0.363	0
8	IFITM2	-0.40845	0.507	0.686	8.52E-215
8	KLRB1	-0.41003	0.092	0.195	6.18E-86
8	EEF1B2	-0.50463	0.989	0.999	0
8	TCF7	-0.67607	0.27	0.625	0
8	ANXA1	-0.83767	0.224	0.603	0
8	NOSIP	-0.87798	0.434	0.782	0
8	CCL5	-0.87903	0.035	0.133	1.62E-105
8	IL7R	-0.97763	0.669	0.92	0
9	MALAT1	1.08858	1	0.998	0

9	NEAT1	0.40270	0.432	0.289	5.09E-154
9	DDX17	0.39339	0.557	0.401	3.63E-184
9	SMCHD1	0.33387	0.627	0.513	2.46E-127
9	SF1	0.32634	0.842	0.761	3.51E-166
9	ITGB1	0.32074	0.518	0.372	5.04E-120
9	NKTR	0.31194	0.422	0.281	1.14E-140
9	PTPRC	0.30202	0.93	0.875	1.10E-146
9	N4BP2L2	0.28116	0.525	0.416	1.32E-97
9	INPP4B	0.26837	0.502	0.389	4.63E-93
9	AHNAK	0.25977	0.613	0.486	1.71E-97
9	ARGLU1	0.25873	0.652	0.57	2.79E-84
9	PNISR	0.25582	0.649	0.565	1.41E-81
9	PIK3R1	0.25220	0.584	0.502	1.47E-68
9	XIST	0.25023	0.214	0.109	1.12E-127
9	SYNE2	0.24955	0.49	0.393	8.60E-68
9	FUS	0.23215	0.743	0.689	3.87E-71
9	STAT3	0.23089	0.473	0.376	2.61E-71
9	ITGA4	0.22152	0.39	0.328	1.26E-31
9	FOXP1	0.21936	0.645	0.59	1.43E-50
9	STK4	0.21768	0.625	0.564	1.77E-55
9	ANKRD12	0.21448	0.645	0.583	7.39E-54
9	SESN3	0.21363	0.291	0.197	1.36E-68
9	LUC7L3	0.21072	0.302	0.203	2.42E-76
9	FYB1	0.20902	0.892	0.837	1.20E-74
9	EPB41	0.20763	0.451	0.367	5.34E-52
9	MYH9	0.20730	0.584	0.533	4.47E-36
9	CELF2	0.20687	0.484	0.418	2.80E-42
9	PRRC2C	0.20632	0.634	0.579	4.76E-48
9	MBNL1	0.20583	0.746	0.698	2.91E-52
9	RSRP1	0.20578	0.49	0.409	1.36E-51
9	ARHGAP15	0.20239	0.555	0.484	8.34E-48
9	NME2	-0.20047	0.534	0.654	4.47E-64
9	HSPA5	-0.20127	0.592	0.648	1.70E-25
9	HSPA8	-0.20312	0.902	0.927	1.84E-81
9	SLC25A5	-0.20412	0.427	0.558	1.01E-74
9	CTSW	-0.20419	0.153	0.247	1.12E-52
9	GAPDH	-0.21977	0.949	0.949	9.66E-60
9	S100A4	-0.22143	0.909	0.839	1
9	TPT1	-0.22752	1	1	1.62E-221
9	EEF1G	-0.22795	0.995	0.996	2.31E-160
9	ACTB	-0.22897	0.999	0.999	7.80E-38
9	JUNB	-0.24782	0.986	0.976	1.47E-16
9	ACTG1	-0.25535	0.973	0.98	1.90E-88
9	EEF1B2	-0.25596	0.999	0.998	2.71E-192
9	CST7	-0.27236	0.066	0.132	5.19E-43
9	CD74	-0.28494	0.613	0.665	1.42E-19
9	GADD45B	-0.29031	0.329	0.456	1.19E-73
9	EEF1A1	-0.32153	1	1	0
9	GZMA	-0.33340	0.031	0.106	2.01E-67
9	DUSP2	-0.33807	0.294	0.403	4.21E-60
9	AL138963.4	-0.42705	0.239	0.304	1.66E-32

9	IER2	-0.51155	0.496	0.627	4.55E-130
9	ZFP36	-0.61391	0.747	0.741	3.88E-50
9	NFKBIA	-0.61673	0.624	0.69	1.29E-114
9	FOS	-0.62355	0.915	0.894	6.52E-112
9	JUN	-0.71171	0.853	0.846	6.68E-141
9	CCL5	-0.81811	0.054	0.132	7.60E-64
10	GNLY	4.24476	0.862	0.016	0
10	NKG7	3.94181	0.973	0.028	0
10	CCL5	3.32268	0.983	0.089	0
10	GZMH	2.88338	0.897	0.007	0
10	CST7	2.10992	0.936	0.092	0
10	GZMA	2.08715	0.909	0.066	0
10	FGFBP2	1.82732	0.765	0.002	0
10	S100A4	1.47134	0.991	0.836	0
10	SH3BGRL3	1.33334	1	0.947	0
10	CTSW	1.32766	0.789	0.218	0
10	PRF1	1.29773	0.683	0.031	0
10	CCL4	1.27427	0.463	0.002	0
10	GZMB	1.21367	0.495	0.001	0
10	LGALS1	1.16831	0.714	0.256	0
10	CD99	1.11868	0.938	0.595	0
10	ITGB2	1.04814	0.887	0.54	0
10	HLA-C	1.03726	1	0.999	0
10	CD74	1.03556	0.845	0.654	0
10	PFN1	1.02539	1	0.991	0
10	HOPX	1.00304	0.562	0.048	0
10	HCST	0.95258	0.925	0.701	0
10	KLRB1	0.92397	0.49	0.177	0
10	GZMM	0.91144	0.773	0.328	0
10	ACTB	0.90389	1	0.999	0
10	PLEK	0.89987	0.518	0.015	0
10	HLA-DPA1	0.89152	0.638	0.134	0
10	IFITM2	0.88514	0.891	0.667	0
10	HLA-DPB1	0.86153	0.64	0.142	0
10	CLIC1	0.84817	0.84	0.5	0
10	FLNA	0.84590	0.737	0.34	0
10	HLA-DRB1	0.84361	0.511	0.082	0
10	IL32	0.82094	0.997	0.932	0
10	CD52	0.80650	1	0.989	0
10	C12orf75	0.80453	0.598	0.12	0
10	B2M	0.80288	1	1	0
10	DUSP2	0.79460	0.643	0.387	0
10	HLA-B	0.79174	1	1	0
10	CTSC	0.78521	0.605	0.184	0
10	S100A6	0.77368	0.978	0.896	0
10	ZEB2	0.75929	0.454	0.006	0
10	CFL1	0.74915	0.995	0.968	0
10	NFKBIA	0.74632	0.859	0.679	0
10	MYL6	0.74115	0.968	0.845	0
10	SPON2	0.73935	0.389	0.022	0
10	EFHD2	0.73917	0.5	0.061	0

10	SRGN	0.72942	0.913	0.654	0
10	YWHAQ	0.72288	0.704	0.343	0
10	ADGRG1	0.71330	0.41	0.001	0
10	BHLHE40	0.70927	0.486	0.101	0
10	S100A10	0.70689	0.958	0.785	0
10	HLA-A	0.70587	1	0.999	0
10	LITAF	0.70231	0.794	0.522	0
10	CYBA	0.69333	0.861	0.643	0
10	AHNAK	0.68085	0.783	0.478	0
10	CALM1	0.66931	0.995	0.956	0
10	LSP1	0.66184	0.9	0.713	0
10	ARPC2	0.64529	0.877	0.68	0
10	KLRG1	0.63480	0.456	0.086	0
10	RAP1B	0.62507	0.705	0.425	0
10	MSN	0.61345	0.675	0.392	0
10	LCP1	0.60754	0.759	0.527	0
10	SLC9A3R1	0.59857	0.628	0.327	0
10	LYAR	0.59035	0.488	0.127	0
10	CALR	0.58977	0.742	0.547	0
10	PPP1CA	0.58719	0.727	0.454	0
10	GAPDH	0.58580	0.991	0.947	0
10	LY6E	0.58089	0.798	0.58	0
10	EMP3	0.57907	0.917	0.765	0
10	GSTP1	0.56894	0.624	0.315	0
10	ITGB1	0.55013	0.675	0.365	0
10	IL2RG	0.53391	0.9	0.76	0
10	TMSB4X	0.52766	1	1	0
10	ARPC1B	0.52705	0.831	0.658	0
10	MYO1F	0.52099	0.417	0.092	0
10	ID2	0.51634	0.505	0.226	0
10	ANXA1	0.51503	0.827	0.573	0
10	MYL12B	0.50655	0.883	0.737	0
10	ZNF683	0.50628	0.184	0.004	0
10	PAXX	0.50110	0.589	0.31	0
10	TPM3	0.49637	0.884	0.757	0
10	HLA-DRB5	0.49129	0.315	0.037	0
10	SAMD3	0.49105	0.391	0.08	0
10	SYNE1	0.48870	0.424	0.151	0
10	PPIB	0.48308	0.839	0.684	0
10	MYL12A	0.48302	0.984	0.95	0
10	IRF1	0.48201	0.626	0.405	2.03E-266
10	CD320	0.47858	0.427	0.15	0
10	CYTOR	0.47257	0.388	0.089	0
10	TGFBR3	0.46378	0.341	0.054	0
10	DBI	0.45482	0.596	0.342	0
10	MYO1G	0.45254	0.51	0.248	0
10	CRIP1	0.45041	0.941	0.836	1.70E-271
10	PSME1	0.44675	0.915	0.808	0
10	PTPRC	0.44508	0.945	0.875	0
10	MATK	0.43944	0.306	0.028	0
10	CX3CR1	0.43606	0.256	0.001	0

10	SYNE2	0.43511	0.61	0.388	1.25E-278
10	GZMK	0.43413	0.17	0.064	1.51E-181
10	S100A11	0.43342	0.577	0.33	0
10	ACTN4	0.42962	0.404	0.128	0
10	MAP3K8	0.42941	0.285	0.038	0
10	UBB	0.42807	0.863	0.728	2.13E-285
10	CMC1	0.42580	0.256	0.068	0
10	APOBEC3G	0.42579	0.365	0.102	0
10	RNF213	0.42554	0.59	0.364	1.27E-300
10	SPN	0.42456	0.449	0.203	0
10	RHOA	0.42438	0.883	0.776	0
10	CD3D	0.42176	0.914	0.832	0
10	PDIA3	0.41984	0.682	0.513	7.04E-235
10	RHOC	0.41906	0.345	0.088	0
10	CD2	0.41812	0.692	0.506	3.03E-243
10	S1PR5	0.41749	0.268	0.001	0
10	FCRL6	0.41748	0.269	0.002	0
10	ARPC3	0.41543	0.872	0.748	1.37E-294
10	PPIA	0.41375	0.988	0.961	0
10	HLA-E	0.41334	0.996	0.989	0
10	GNG2	0.40651	0.492	0.249	0
10	TGFB1	0.40531	0.49	0.244	0
10	SERF2	0.39941	0.985	0.956	0
10	GUK1	0.39487	0.703	0.509	5.61E-263
10	PPP1R18	0.39408	0.489	0.258	0
10	H3F3A	0.39260	0.916	0.826	4.21E-292
10	PSMB9	0.39074	0.66	0.49	4.02E-212
10	ANXA6	0.38937	0.647	0.471	1.82E-213
10	ARPC5L	0.38592	0.438	0.207	0
10	ANXA2	0.38568	0.479	0.22	0
10	ITGAL	0.38466	0.383	0.148	0
10	HSPA5	0.38460	0.775	0.639	3.59E-156
10	RUNX3	0.38316	0.353	0.111	0
10	CAP1	0.38210	0.641	0.468	1.23E-208
10	APMAP	0.38023	0.346	0.094	0
10	RASSF1	0.37804	0.386	0.157	0
10	UBC	0.37706	0.995	0.975	0
10	GBP5	0.37644	0.409	0.179	0
10	KLF6	0.37612	0.887	0.733	9.90E-215
10	PRSS23	0.37565	0.241	0	0
10	CTSD	0.37312	0.49	0.268	0
10	HLA-F	0.36899	0.658	0.489	2.99E-198
10	CD63	0.36758	0.395	0.156	0
10	C1orf21	0.36700	0.242	0.001	0
10	KLF3	0.36646	0.573	0.398	3.45E-187
10	PLAAT4	0.36645	0.729	0.593	2.75E-186
10	CHST12	0.36638	0.303	0.064	0
10	TLN1	0.35360	0.401	0.193	0
10	TNF	0.35231	0.201	0.059	0
10	ARPC4	0.35078	0.609	0.443	1.34E-181
10	PGAM1	0.34918	0.534	0.326	1.28E-247

10	DNAJC1	0.34737	0.35	0.127	0
10	MYH9	0.34658	0.67	0.529	8.41E-141
10	TPST2	0.34593	0.296	0.072	0
10	IFNG	0.34487	0.193	0.014	0
10	HSP90AA1	0.34250	0.881	0.798	1.05E-178
10	SYTL3	0.34219	0.362	0.149	0
10	RAC2	0.34182	0.917	0.858	1.45E-207
10	CXCR4	0.34169	0.908	0.847	3.11E-144
10	CD3G	0.34038	0.778	0.658	5.14E-169
10	HLA-DRA	0.34011	0.171	0.029	0
10	ATP5F1E	0.33681	0.984	0.964	1.07E-255
10	YWHAZ	0.33434	0.888	0.803	1.06E-197
10	CD53	0.33265	0.609	0.44	6.94E-182
10	PSME2	0.33140	0.651	0.505	8.94E-157
10	CAPZB	0.33017	0.733	0.606	1.83E-160
10	STOM	0.32842	0.303	0.086	0
10	ACTG1	0.32699	0.988	0.979	8.13E-130
10	MIR4435-2HG	0.32333	0.247	0.04	0
10	CORO1A	0.32282	0.932	0.896	6.30E-161
10	TNFRSF1B	0.32052	0.367	0.159	0
10	ADGRE5	0.31988	0.493	0.324	5.59E-166
10	ZBTB38	0.31902	0.355	0.159	2.32E-303
10	OAZ1	0.31819	0.894	0.816	7.71E-193
10	SASH3	0.31634	0.357	0.161	1.41E-303
10	BIN2	0.31572	0.643	0.501	9.50E-141
10	BSG	0.31378	0.516	0.328	4.17E-206
10	DHRS7	0.31342	0.514	0.338	7.10E-184
10	TUBA4A	0.31336	0.49	0.324	2.46E-158
10	CAST	0.31241	0.541	0.372	2.40E-159
10	RORA	0.31132	0.443	0.264	1.79E-193
10	IQGAP1	0.31062	0.454	0.265	8.31E-212
10	PPP2R5C	0.30642	0.5	0.32	6.18E-176
10	CAPN2	0.30603	0.466	0.286	4.93E-190
10	P4HB	0.30533	0.516	0.346	1.15E-166
10	ITGA4	0.30513	0.525	0.322	3.97E-195
10	ZFP36	0.30508	0.872	0.735	3.84E-150
10	CDK2AP2	0.30487	0.368	0.187	3.83E-236
10	SERTAD1	0.29817	0.389	0.219	3.58E-190
10	REEP5	0.29750	0.406	0.207	9.97E-262
10	IFITM1	0.29520	0.994	0.983	7.22E-148
10	RABAC1	0.29486	0.572	0.413	1.58E-144
10	IFITM3	0.29391	0.359	0.268	7.65E-63
10	LAIR2	0.29327	0.157	0.022	0
10	PYHIN1	0.29111	0.301	0.116	0
10	TXN	0.29038	0.48	0.287	1.81E-200
10	LDHA	0.29034	0.674	0.55	7.11E-112
10	PTP4A2	0.29022	0.464	0.284	2.24E-186
10	ELOB	0.28954	0.757	0.634	1.02E-141
10	CLEC2B	0.28908	0.471	0.322	3.16E-130
10	ATP2B4	0.28662	0.279	0.096	0
10	HERPUD1	0.28616	0.435	0.273	1.11E-150

10	CDC42EP3	0.28557	0.28	0.1	0
10	ARL4C	0.28444	0.681	0.545	2.41E-119
10	SEC61B	0.28356	0.576	0.415	1.67E-139
10	IDH2	0.28204	0.356	0.179	3.55E-234
10	SEPTIN7	0.28199	0.667	0.554	4.99E-110
10	CCNH	0.27941	0.472	0.332	3.88E-113
10	SRP14	0.27915	0.899	0.843	5.11E-161
10	TBX21	0.27890	0.192	0.01	0
10	SUB1	0.27875	0.72	0.615	8.52E-105
10	LINC01871	0.27837	0.222	0.04	0
10	TBCB	0.27625	0.482	0.31	3.60E-166
10	SSR4	0.27376	0.768	0.67	4.77E-110
10	IER2	0.27289	0.758	0.615	7.15E-115
10	ARL6IP1	0.27182	0.528	0.386	4.81E-121
10	HSP90B1	0.27123	0.685	0.56	1.78E-109
10	TSC22D3	0.27076	0.96	0.945	3.05E-85
10	ADRB2	0.26691	0.182	0.011	0
10	UBL5	0.26543	0.71	0.592	6.26E-112
10	ENC1	0.26456	0.18	0.013	0
10	TUBA1B	0.26383	0.593	0.485	6.47E-78
10	CD6	0.26142	0.541	0.418	8.88E-94
10	THEMIS	0.26125	0.332	0.174	6.43E-189
10	GLIPR1	0.26049	0.399	0.23	4.75E-169
10	LRRFIP1	0.25932	0.593	0.466	4.44E-97
10	DSTN	0.25880	0.422	0.274	6.09E-130
10	PMAIP1	0.25801	0.253	0.114	1.65E-191
10	IL10RA	0.25787	0.502	0.329	6.88E-145
10	CCND3	0.25613	0.771	0.69	2.90E-95
10	ARF1	0.25561	0.694	0.577	2.53E-109
10	DIAPH1	0.25364	0.332	0.175	6.35E-185
10	ERN1	0.25260	0.277	0.112	1.87E-274
10	ARHGDI B	0.25227	0.987	0.976	5.32E-159
10	TAGLN2	0.25077	0.842	0.748	1.65E-84
10	PARP8	0.24948	0.375	0.224	7.11E-149
10	CHCHD2	0.24802	0.855	0.788	5.51E-113
10	BLOC1S1	0.24780	0.455	0.301	3.88E-131
10	PROK2	0.24762	0.155	0.002	0
10	YWHAB	0.24602	0.832	0.758	2.11E-102
10	ITGB7	0.24228	0.402	0.255	3.92E-130
10	CD3E	0.24174	0.989	0.982	3.59E-158
10	COX6A1	0.24169	0.771	0.684	1.63E-94
10	ARPC5	0.24143	0.528	0.403	4.45E-91
10	POMP	0.24124	0.432	0.275	8.59E-139
10	WIPF1	0.24066	0.532	0.402	4.57E-94
10	PDIA6	0.23996	0.36	0.21	1.03E-148
10	POLR2L	0.23995	0.574	0.453	4.03E-91
10	SELPLG	0.23993	0.56	0.428	3.98E-95
10	PTGDR	0.23987	0.162	0.008	0
10	RNF167	0.23966	0.429	0.283	2.76E-123
10	RAB5IF	0.23913	0.319	0.162	1.81E-192
10	SERTAD3	0.23830	0.18	0.029	0

10	SMAD7	0.23775	0.195	0.043	0
10	GPR65	0.23718	0.245	0.098	3.29E-248
10	CD300A	0.23713	0.195	0.04	0
10	C9orf16	0.23653	0.632	0.505	1.88E-94
10	CISD3	0.23643	0.238	0.089	1.35E-272
10	TENT5C	0.23571	0.399	0.248	2.73E-127
10	ITGAM	0.23516	0.156	0.004	0
10	NFATC2	0.23488	0.288	0.139	1.45E-191
10	RAB29	0.23487	0.291	0.142	5.42E-189
10	FBXW5	0.23470	0.345	0.194	4.53E-159
10	PATL2	0.23426	0.212	0.066	0
10	RAB1B	0.23424	0.363	0.219	9.07E-137
10	EMB	0.23361	0.457	0.325	1.27E-98
10	APOBEC3C	0.23351	0.231	0.078	0
10	ABHD17A	0.23318	0.229	0.082	1.54E-284
10	CCDC107	0.23281	0.351	0.203	1.64E-148
10	ARRB2	0.23244	0.452	0.321	6.97E-97
10	TMEM50A	0.23223	0.522	0.388	1.48E-98
10	KRTCAP2	0.23128	0.697	0.595	1.27E-85
10	MAP1LC3B	0.22892	0.464	0.333	5.37E-96
10	NDUFB2	0.22868	0.576	0.461	2.46E-82
10	WDR1	0.22852	0.469	0.35	5.83E-81
10	AGTRAP	0.22840	0.252	0.109	6.86E-218
10	SUN2	0.22629	0.476	0.356	6.07E-81
10	AKNA	0.22617	0.338	0.204	4.79E-122
10	PARK7	0.22471	0.574	0.458	6.05E-82
10	GLIPR2	0.22342	0.31	0.152	4.86E-196
10	SRSF7	0.22294	0.714	0.649	4.88E-49
10	RGS1	0.22272	0.293	0.169	5.41E-106
10	RNASEK	0.22259	0.757	0.675	4.36E-76
10	PSMA7	0.22239	0.615	0.51	2.86E-74
10	RASAL3	0.22234	0.339	0.203	4.51E-126
10	FKBP11	0.22211	0.331	0.19	1.27E-137
10	NDUFC2	0.22132	0.463	0.322	3.55E-106
10	EID1	0.22108	0.626	0.511	3.06E-78
10	CFLAR	0.21986	0.398	0.263	6.94E-104
10	MYADM	0.21971	0.383	0.272	5.04E-70
10	UQCR11	0.21897	0.795	0.729	8.01E-76
10	OSTF1	0.21869	0.425	0.29	6.19E-104
10	COPE	0.21849	0.506	0.377	5.57E-91
10	SCP2	0.21814	0.363	0.227	4.41E-117
10	AKAP13	0.21803	0.439	0.31	5.76E-89
10	ARL6IP5	0.21789	0.738	0.653	9.11E-71
10	FYN	0.21773	0.36	0.231	1.09E-104
10	TRAPPC1	0.21773	0.485	0.362	2.53E-84
10	MACF1	0.21756	0.359	0.23	3.80E-101
10	MYBL1	0.21735	0.176	0.037	0
10	SH2D2A	0.21708	0.244	0.105	1.67E-208
10	PSMB8	0.21680	0.526	0.426	2.02E-63
10	BRK1	0.21642	0.474	0.341	2.37E-96
10	GNAI2	0.21578	0.373	0.239	5.18E-110

10	TMBIM6	0.21520	0.686	0.606	3.16E-66
10	DOK2	0.21493	0.372	0.235	1.39E-111
10	ALOX5AP	0.21359	0.373	0.276	1.07E-59
10	EZR	0.21342	0.58	0.45	3.38E-80
10	ABI3	0.21208	0.166	0.027	0
10	F2R	0.21184	0.152	0.009	0
10	CES1	0.21139	0.132	0.004	0
10	CCL4L2	0.21129	0.125	0.001	0
10	SELENOT	0.21084	0.379	0.238	4.29E-120
10	PSAP	0.20866	0.514	0.406	5.59E-70
10	RHOF	0.20866	0.419	0.296	2.45E-85
10	TSEN54	0.20851	0.254	0.116	4.30E-191
10	STK10	0.20812	0.338	0.21	2.91E-108
10	COX8A	0.20788	0.631	0.546	3.27E-59
10	LINC00892	0.20751	0.182	0.052	0
10	DNAJB6	0.20727	0.358	0.229	8.47E-105
10	PPP2R2B	0.20659	0.157	0.021	0
10	TMEM59	0.20601	0.52	0.414	4.15E-67
10	ARHGDI A	0.20569	0.583	0.479	1.28E-67
10	SDF2L1	0.20519	0.292	0.165	2.54E-124
10	IFI27L2	0.20423	0.296	0.157	6.86E-151
10	ZAP70	0.20393	0.48	0.37	9.51E-68
10	ATP6V0E1	0.20361	0.537	0.423	1.80E-72
10	CD5	0.20360	0.469	0.37	8.79E-56
10	PTPRCAP	0.20326	0.541	0.446	1.65E-55
10	SNRPB	0.20299	0.537	0.424	1.04E-72
10	NDUFB7	0.20281	0.441	0.318	2.49E-83
10	MFSD10	0.20204	0.306	0.178	5.08E-120
10	MBP	0.20167	0.497	0.385	3.72E-67
10	TMA7	0.20154	0.948	0.927	1.62E-89
10	MIEN1	0.20068	0.312	0.175	3.19E-136
10	PTPN4	0.20013	0.296	0.169	1.07E-121
10	TUBA1A	-0.20057	0.51	0.587	9.08E-39
10	UXT	-0.20092	0.596	0.704	3.39E-67
10	FAM102A	-0.20213	0.052	0.187	5.63E-126
10	AC243960.1	-0.20237	0.165	0.289	1.22E-80
10	RGCC	-0.20273	0.34	0.415	2.24E-27
10	TTC39C	-0.20305	0.221	0.339	2.06E-69
10	CD28	-0.20340	0.082	0.219	1.42E-114
10	TOMM20	-0.20484	0.528	0.635	5.17E-68
10	MLLT3	-0.20792	0.114	0.245	7.33E-99
10	TMEM243	-0.20810	0.208	0.342	5.83E-87
10	BEX2	-0.20902	0.047	0.187	4.55E-136
10	SEPTIN6	-0.21131	0.494	0.612	9.03E-69
10	FAU	-0.21151	1	1	4.25E-261
10	CYLD	-0.21174	0.217	0.346	8.66E-80
10	TRAT1	-0.21213	0.176	0.306	5.53E-86
10	SNHG5	-0.21387	0.446	0.578	1.07E-72
10	PCED1B	-0.21419	0.125	0.25	1.38E-89
10	AREG	-0.21432	0.076	0.193	1.20E-91
10	IL6R	-0.21874	0.028	0.172	9.34E-155

10	SOD1	-0.21926	0.588	0.706	4.10E-83
10	LINC00861	-0.21943	0.32	0.437	1.35E-64
10	SNHG7	-0.22110	0.142	0.281	2.54E-103
10	CRIP2	-0.22178	0.038	0.165	2.18E-122
10	CCNI	-0.22411	0.817	0.888	9.34E-87
10	EPHX2	-0.22606	0.023	0.172	8.49E-165
10	ZNF331	-0.22732	0.103	0.232	1.05E-98
10	MGAT4A	-0.22922	0.364	0.489	8.63E-75
10	HSPB1	-0.23221	0.321	0.461	4.67E-88
10	ARMH1	-0.23349	0.03	0.176	6.78E-157
10	TCEA3	-0.23455	0.015	0.164	2.25E-172
10	GPX4	-0.23526	0.487	0.628	1.12E-98
10	THOC3	-0.23655	0.106	0.258	1.67E-129
10	EIF4B	-0.24167	0.624	0.742	5.04E-96
10	AIF1	-0.24167	0.015	0.152	5.98E-155
10	TNFSF8	-0.24405	0.052	0.211	2.24E-160
10	BCL11B	-0.24470	0.261	0.41	7.24E-102
10	MAML2	-0.24864	0.094	0.247	2.12E-134
10	RNASET2	-0.24880	0.421	0.56	1.85E-96
10	NSA2	-0.25091	0.505	0.642	3.20E-95
10	SES3	-0.25102	0.057	0.208	2.14E-146
10	BCL2	-0.25266	0.163	0.313	5.93E-113
10	CDKN1B	-0.25485	0.33	0.471	2.39E-95
10	TXK	-0.25573	0.029	0.194	3.77E-184
10	BIRC3	-0.25669	0.1	0.26	1.56E-140
10	BEX3	-0.25965	0.026	0.195	1.37E-193
10	SERINC5	-0.26100	0.057	0.225	3.58E-172
10	PSIP1	-0.26201	0.304	0.466	1.02E-115
10	TESPA1	-0.26224	0.117	0.282	7.53E-145
10	C1orf162	-0.26295	0.188	0.359	4.92E-128
10	ALKBH7	-0.26352	0.275	0.441	5.65E-122
10	ACTN1	-0.26449	0.021	0.188	4.37E-195
10	DNAJB1	-0.26513	0.715	0.806	2.67E-89
10	SPINT2	-0.26746	0.025	0.207	1.32E-214
10	IL7R	-0.26876	0.797	0.913	2.83E-126
10	SLC40A1	-0.27588	0.018	0.176	1.46E-182
10	COX7C	-0.27783	0.935	0.975	9.32E-179
10	ARHGAP15	-0.28266	0.334	0.494	8.73E-119
10	PPP1R2	-0.28280	0.359	0.527	1.11E-127
10	AL138963.4	-0.28604	0.238	0.304	7.57E-24
10	USP10	-0.28630	0.121	0.271	1.14E-124
10	ADTRP	-0.28815	0.016	0.189	2.35E-206
10	NACA	-0.28909	0.999	1	0
10	EIF2S3	-0.29038	0.385	0.553	1.28E-133
10	SF1	-0.29431	0.644	0.77	5.32E-131
10	SNHG6	-0.29885	0.722	0.836	3.05E-143
10	GIMAP1	-0.29991	0.247	0.422	1.13E-142
10	NELL2	-0.30281	0.034	0.217	8.17E-208
10	RHOH	-0.30310	0.298	0.477	1.15E-142
10	PIM1	-0.30544	0.298	0.45	1.42E-112
10	ST13	-0.30760	0.437	0.602	1.10E-142

10	RSL1D1	-0.30830	0.379	0.557	2.10E-147
10	IL6ST	-0.30895	0.1	0.285	1.19E-181
10	LIMD2	-0.30978	0.624	0.779	2.35E-153
10	LDLRAP1	-0.31027	0.125	0.321	4.67E-190
10	SERP1	-0.31174	0.562	0.718	4.74E-154
10	NOP53	-0.31478	0.809	0.902	7.86E-175
10	FHIT	-0.32056	0.034	0.229	4.05E-229
10	SH3YL1	-0.32246	0.053	0.255	5.61E-228
10	FXYD5	-0.32307	0.949	0.98	2.14E-223
10	SATB1	-0.32334	0.089	0.287	1.44E-204
10	KLF2	-0.32613	0.599	0.739	3.31E-137
10	EIF3H	-0.32777	0.658	0.8	1.41E-177
10	NAP1L1	-0.32837	0.419	0.611	2.54E-170
10	MCUB	-0.32849	0.309	0.521	8.43E-190
10	MYC	-0.33432	0.044	0.234	8.96E-213
10	FYB1	-0.33541	0.733	0.844	2.05E-156
10	HINT1	-0.34182	0.874	0.95	3.14E-231
10	ANP32B	-0.34263	0.587	0.751	1.52E-189
10	EIF3L	-0.34605	0.578	0.743	1.04E-190
10	PASK	-0.34680	0.046	0.233	2.94E-209
10	SNHG32	-0.35268	0.188	0.406	2.29E-215
10	TRABD2A	-0.35279	0.052	0.277	1.69E-266
10	RGS10	-0.35718	0.361	0.565	2.80E-197
10	INPP4B	-0.36165	0.187	0.404	2.95E-212
10	OXNAD1	-0.36247	0.193	0.406	7.86E-208
10	CD55	-0.36299	0.113	0.329	2.19E-226
10	NDFIP1	-0.36381	0.381	0.574	1.95E-185
10	ABLIM1	-0.36907	0.182	0.393	3.55E-204
10	SOCS3	-0.37180	0.105	0.308	4.34E-205
10	ZFAS1	-0.37410	0.584	0.763	1.89E-216
10	DGKA	-0.37531	0.127	0.37	1.87E-266
10	RACK1	-0.39441	0.999	1	0
10	TSHZ2	-0.40340	0.03	0.27	0
10	SMDT1	-0.41081	0.431	0.644	7.50E-235
10	SLC2A3	-0.41696	0.42	0.6	8.94E-164
10	EEF1A1	-0.42890	1	1	0
10	FCMR	-0.43614	0.265	0.512	8.41E-269
10	EEF2	-0.44843	0.979	0.995	0
10	SNHG8	-0.44924	0.4	0.626	1.02E-263
10	PIM2	-0.45261	0.192	0.445	1.38E-284
10	GPR183	-0.45518	0.129	0.391	1.46E-302
10	TXNIP	-0.45560	0.921	0.96	3.34E-206
10	PLP2	-0.46059	0.295	0.541	5.58E-271
10	TPT1	-0.49155	1	1	0
10	PIK3IP1	-0.50860	0.307	0.585	0
10	CAMK4	-0.51328	0.169	0.483	0
10	FLT3LG	-0.51636	0.389	0.658	0
10	AQP3	-0.52207	0.115	0.417	0
10	EIF3E	-0.52462	0.575	0.8	0
10	FOXP1	-0.53290	0.319	0.605	0
10	TMEM123	-0.53303	0.353	0.652	0

10	FOS	-0.53453	0.859	0.897	8.47E-111
10	NPM1	-0.54339	0.928	0.983	0
10	EEF1G	-0.55850	0.983	0.997	0
10	LEPROTL1	-0.57013	0.441	0.721	0
10	SNHG29	-0.58685	0.79	0.936	0
10	CD27	-0.59578	0.09	0.476	0
10	RCAN3	-0.63985	0.091	0.484	0
10	EEF1B2	-0.65377	0.994	0.998	0
10	PRKCQ-AS1	-0.65395	0.143	0.493	0
10	CD7	-0.66770	0.261	0.606	0
10	CCR7	-0.66825	0.052	0.431	0
10	SARAF	-0.69836	0.929	0.986	0
10	JUNB	-0.77259	0.965	0.977	0
10	LEF1	-0.78041	0.102	0.551	0
10	PABPC1	-0.79390	0.922	0.992	0
10	GAS5	-0.81045	0.679	0.922	0
10	TCF7	-0.93002	0.133	0.629	0
10	LDHB	-0.97151	0.729	0.966	0
10	SELL	-0.98094	0.146	0.645	0
10	MAL	-0.98140	0.071	0.619	0
10	NOSIP	-1.03177	0.35	0.784	0
10	LTB	-1.57891	0.604	0.982	0
11	TXNIP	0.37118	0.987	0.957	8.02E-136
11	TCF7	0.20243	0.694	0.604	1.07E-46
11	TUBB4B	-0.20228	0.157	0.271	2.13E-57
11	SEC61B	-0.20237	0.307	0.426	6.81E-54
11	GATA3	-0.20777	0.161	0.269	5.82E-53
11	LDHA	-0.20783	0.45	0.559	1.68E-48
11	SAT1	-0.20914	0.324	0.424	1.27E-38
11	YWHAQ	-0.21076	0.24	0.363	6.05E-59
11	H3F3B	-0.21366	0.967	0.978	8.67E-65
11	AHNAK	-0.21377	0.393	0.495	2.20E-36
11	ARL4C	-0.21477	0.441	0.555	6.72E-50
11	DDIT4	-0.21721	0.368	0.457	1.49E-31
11	RGS1	-0.21967	0.085	0.178	6.22E-51
11	CFL1	-0.22557	0.952	0.97	5.65E-69
11	CALM1	-0.22691	0.935	0.958	4.86E-75
11	TSC22D3	-0.22746	0.935	0.946	1.20E-48
11	TMSB4X	-0.22962	1	1	6.28E-120
11	ACTG1	-0.23037	0.972	0.98	6.47E-52
11	ANXA2	-0.23125	0.113	0.236	5.52E-73
11	B2M	-0.23901	1	1	2.49E-176
11	COTL1	-0.24507	0.474	0.578	1.90E-48
11	EMP3	-0.25561	0.705	0.774	4.38E-60
11	VIM	-0.25649	0.971	0.975	4.41E-54
11	MYL6	-0.25866	0.787	0.852	1.85E-67
11	S100A11	-0.25973	0.206	0.345	1.83E-74
11	SLC2A3	-0.26203	0.493	0.596	2.51E-50
11	LMNA	-0.26376	0.04	0.159	7.02E-93
11	S100A6	-0.26537	0.878	0.9	8.83E-56
11	GAPDH	-0.27068	0.925	0.95	2.87E-72

11	CD69	-0.27715	0.639	0.723	5.87E-51
11	AL138963.4	-0.27922	0.268	0.303	2.95E-06
11	EZR	-0.28418	0.318	0.46	6.05E-80
11	ARPC1B	-0.29049	0.549	0.67	1.45E-79
11	CSRNP1	-0.29238	0.172	0.328	2.80E-100
11	KLRB1	-0.31023	0.109	0.193	6.29E-40
11	ITGB1	-0.32431	0.23	0.384	3.53E-88
11	UBC	-0.33512	0.953	0.976	4.73E-156
11	CLIC1	-0.33610	0.362	0.52	2.56E-101
11	CD99	-0.34003	0.478	0.615	2.42E-95
11	CST7	-0.34152	0.029	0.133	5.75E-82
11	ZFP36L2	-0.34211	0.934	0.944	2.77E-72
11	GZMA	-0.35575	0.017	0.106	4.61E-73
11	PFN1	-0.36371	0.982	0.992	1.25E-146
11	ACTB	-0.37255	0.999	0.999	3.40E-124
11	NR4A2	-0.37310	0.221	0.391	7.46E-112
11	GADD45B	-0.37707	0.299	0.456	1.03E-97
11	ANXA1	-0.38859	0.468	0.588	1.70E-77
11	RGCC	-0.39033	0.272	0.417	5.58E-86
11	HSPA5	-0.39298	0.514	0.65	3.91E-93
11	TNFAIP3	-0.40199	0.705	0.771	1.30E-76
11	FTH1	-0.40277	0.997	0.999	2.19E-195
11	S100A10	-0.42521	0.717	0.795	2.84E-112
11	CD74	-0.42661	0.575	0.666	7.61E-61
11	SRGN	-0.43026	0.526	0.67	1.41E-130
11	DUSP1	-0.44198	0.766	0.858	3.16E-130
11	TAGLN2	-0.45992	0.623	0.757	1.52E-151
11	IER2	-0.46775	0.467	0.627	6.50E-114
11	LGALS1	-0.47503	0.142	0.281	1.09E-87
11	CRIP1	-0.48235	0.772	0.843	1.48E-110
11	KLF6	-0.49794	0.602	0.745	2.42E-149
11	DUSP2	-0.50172	0.225	0.404	4.44E-127
11	SH3BGR13	-0.50266	0.919	0.95	1.06E-193
11	IL32	-0.51683	0.894	0.936	1.23E-177
11	JUNB	-0.53052	0.965	0.977	5.31E-157
11	PPP1R15A	-0.54264	0.581	0.744	1.11E-194
11	FOS	-0.64578	0.837	0.897	9.35E-142
11	JUN	-0.68101	0.756	0.85	7.49E-172
11	S100A4	-0.69921	0.784	0.844	3.39E-153
11	NFKBIA	-0.75741	0.546	0.693	2.27E-184
11	CCL5	-0.85897	0.03	0.132	7.58E-82
11	ZFP36	-0.86382	0.613	0.746	1.43E-190
12	LGALS1	1.73907	0.815	0.257	0
12	S100A4	1.58492	0.994	0.837	0
12	CRIP1	1.34477	0.987	0.835	0
12	CD74	1.22043	0.877	0.655	0
12	S100A10	1.18573	0.986	0.786	0
12	SH3BGR13	1.04682	0.999	0.947	0
12	S100A6	1.01828	0.983	0.896	0
12	IL32	1.01455	0.996	0.932	0
12	COTL1	1.00113	0.904	0.563	0

12	ACTB	0.92262	1	0.999	0
12	S100A11	0.91729	0.796	0.324	0
12	ANXA2	0.90104	0.705	0.214	0
12	CD52	0.88001	0.999	0.989	0
12	HLA-DRB1	0.87542	0.473	0.087	0
12	ANXA1	0.83301	0.875	0.574	0
12	PFN1	0.82793	1	0.991	0
12	GAPDH	0.82714	0.995	0.947	0
12	ITGB1	0.82604	0.783	0.364	0
12	CLIC1	0.82200	0.87	0.502	0
12	EMP3	0.81398	0.967	0.765	0
12	AHNAK	0.77402	0.806	0.48	0
12	VIM	0.76656	0.994	0.975	0
12	TAGLN2	0.75003	0.934	0.746	0
12	MYL6	0.73474	0.968	0.846	0
12	HLA-DPA1	0.71120	0.494	0.143	0
12	ACTG1	0.70987	0.989	0.979	0
12	CD99	0.70177	0.893	0.6	0
12	ARPC1B	0.69970	0.897	0.658	0
12	TXN	0.67420	0.648	0.282	0
12	GSTK1	0.64171	0.941	0.788	0
12	ANXA5	0.63895	0.634	0.253	0
12	LGALS3	0.63095	0.388	0.08	0
12	ALOX5AP	0.62910	0.613	0.268	0
12	HLA-DPB1	0.62450	0.471	0.153	0
12	HLA-DRA	0.62382	0.288	0.026	0
12	TMSB10	0.60704	1	1	0
12	FLNA	0.60324	0.666	0.346	0
12	TIMP1	0.58358	0.603	0.291	0
12	CFL1	0.58107	0.995	0.968	0
12	PLP2	0.58059	0.773	0.521	0
12	LMNA	0.57150	0.453	0.144	0
12	IFITM2	0.55357	0.858	0.67	0
12	DUSP4	0.54806	0.335	0.063	0
12	PPP1CA	0.54267	0.748	0.456	0
12	ARPC2	0.53772	0.877	0.682	0
12	CAPZB	0.53228	0.817	0.604	0
12	B2M	0.53131	1	1	0
12	HLA-DRB5	0.51827	0.297	0.04	0
12	YWHAQ	0.50864	0.648	0.348	0
12	GLIPR1	0.50233	0.517	0.228	0
12	IL2RG	0.50230	0.906	0.762	0
12	HLA-A	0.50055	1	0.999	0
12	TMSB4X	0.49693	1	1	0
12	ARPC3	0.49549	0.905	0.748	0
12	LSP1	0.48941	0.878	0.716	3.32E-293
12	ANXA6	0.48623	0.736	0.47	0
12	CAPG	0.48193	0.388	0.086	0
12	CALM1	0.47778	0.991	0.956	0
12	YWHAB	0.47165	0.905	0.756	0
12	LCP1	0.46747	0.75	0.53	4.25E-261

12	LIME1	0.46710	0.859	0.691	1.06E-255
12	DUSP2	0.45771	0.568	0.392	8.39E-132
12	GATA3	0.45640	0.505	0.257	3.44E-294
12	CD82	0.45487	0.511	0.206	0
12	CYBA	0.45425	0.843	0.646	3.39E-275
12	LY6E	0.45233	0.776	0.582	4.35E-226
12	SEC61B	0.44893	0.683	0.413	0
12	GZMA	0.44837	0.287	0.096	0
12	PPIB	0.44640	0.865	0.684	5.01E-276
12	CNN2	0.44570	0.811	0.666	1.32E-184
12	TPM3	0.44435	0.909	0.757	6.00E-296
12	MYO1G	0.44231	0.53	0.25	0
12	CORO1A	0.44022	0.949	0.896	6.79E-207
12	SRGN	0.43974	0.846	0.659	3.15E-214
12	CYTOR	0.43822	0.347	0.094	0
12	LRRFIP1	0.43437	0.705	0.464	1.06E-266
12	TSPO	0.43342	0.743	0.515	2.74E-275
12	PSME2	0.43310	0.723	0.504	2.24E-235
12	PSME1	0.43014	0.926	0.809	9.73E-272
12	PRDX1	0.42067	0.564	0.313	1.04E-293
12	C12orf75	0.42063	0.398	0.132	0
12	ITM2A	0.41640	0.531	0.333	4.48E-182
12	LDHA	0.41139	0.76	0.548	2.33E-234
12	NPDC1	0.40814	0.35	0.102	0
12	SLC9A3R1	0.40715	0.567	0.332	1.80E-253
12	UCP2	0.40115	0.705	0.567	5.50E-112
12	TPI1	0.39972	0.717	0.5	1.50E-231
12	ZYX	0.39932	0.596	0.38	2.00E-214
12	ITGB2	0.39903	0.74	0.548	3.76E-205
12	KLF6	0.39619	0.885	0.735	7.81E-186
12	HLA-B	0.39572	1	1	0
12	NME2	0.39539	0.813	0.643	1.61E-191
12	LTB	0.39371	0.968	0.965	3.55E-105
12	EZR	0.39362	0.685	0.447	4.09E-229
12	ACTN4	0.39235	0.383	0.132	0
12	HLA-C	0.39128	1	0.999	0
12	MYL12A	0.38950	0.985	0.95	2.91E-283
12	H3F3A	0.38013	0.921	0.826	1.23E-172
12	COX5A	0.37672	0.612	0.379	6.33E-241
12	CAPN2	0.37633	0.535	0.285	3.72E-279
12	ATP5F1E	0.37595	0.99	0.964	3.21E-275
12	HOPX	0.37525	0.234	0.064	0
12	COX6A1	0.37366	0.859	0.682	2.08E-233
12	PSMB9	0.37274	0.687	0.491	1.97E-187
12	CRIP2	0.37083	0.34	0.153	3.56E-234
12	MYH9	0.36988	0.705	0.529	9.42E-151
12	SUB1	0.36660	0.777	0.614	2.16E-166
12	HMGB1	0.36658	0.898	0.82	2.47E-151
12	JPT1	0.36651	0.38	0.141	0
12	TGFB1	0.36543	0.481	0.247	5.42E-264
12	C4orf48	0.36535	0.422	0.182	0

12	AQP3	0.36436	0.563	0.398	8.96E-121
12	LAT	0.36419	0.687	0.513	2.73E-156
12	GLIPR2	0.36229	0.39	0.151	0
12	CD2	0.36224	0.699	0.508	3.80E-171
12	CAP1	0.35970	0.672	0.469	2.67E-189
12	TRADD	0.35653	0.57	0.336	1.07E-223
12	DDIT4	0.35501	0.636	0.448	1.74E-139
12	DSTN	0.35340	0.493	0.273	5.00E-228
12	MSN	0.35330	0.609	0.397	8.10E-191
12	EMB	0.35224	0.54	0.323	2.01E-207
12	CORO1B	0.34911	0.566	0.393	1.41E-132
12	MYL12B	0.34753	0.877	0.739	1.08E-192
12	YWHAZ	0.34467	0.909	0.803	1.80E-180
12	DOK2	0.34213	0.455	0.234	2.12E-240
12	ZFP36	0.33957	0.887	0.736	4.81E-172
12	RHOA	0.33897	0.89	0.777	2.26E-188
12	OPTN	0.33789	0.511	0.298	1.06E-200
12	DBI	0.33774	0.568	0.345	4.51E-211
12	PSMA7	0.33623	0.71	0.508	2.08E-189
12	C9orf16	0.33477	0.701	0.504	6.66E-174
12	CXCR3	0.33472	0.251	0.062	0
12	CALM2	0.33302	0.69	0.485	1.42E-184
12	ATP5F1B	0.33214	0.659	0.47	1.65E-165
12	PPP1R18	0.33203	0.486	0.261	7.40E-229
12	HLA-DQB1	0.33026	0.243	0.052	0
12	CAST	0.32916	0.585	0.372	1.35E-178
12	RABAC1	0.32879	0.615	0.413	5.47E-173
12	RAC2	0.32834	0.93	0.858	2.43E-149
12	WDR86-AS1	0.32820	0.271	0.06	0
12	TPM4	0.32772	0.336	0.134	1.41E-291
12	GUK1	0.32730	0.694	0.511	8.84E-163
12	MYO1F	0.32730	0.317	0.099	0
12	CKLF	0.32684	0.469	0.261	6.68E-204
12	ARHGDIB	0.32475	0.988	0.976	6.81E-161
12	PPDPF	0.32427	0.961	0.916	8.38E-169
12	PGAM1	0.32317	0.54	0.328	4.02E-193
12	NDUFB9	0.32300	0.72	0.564	5.22E-141
12	DYNLL1	0.32244	0.448	0.252	6.79E-186
12	WDR1	0.32225	0.538	0.349	6.86E-157
12	TBCB	0.32000	0.525	0.31	1.09E-201
12	TMEM50A	0.31939	0.595	0.387	2.61E-183
12	TNFAIP3	0.31857	0.882	0.765	8.02E-123
12	PPP2R5C	0.31818	0.5	0.322	6.84E-142
12	PKM	0.31748	0.738	0.585	2.01E-132
12	PFKL	0.31653	0.379	0.18	1.41E-231
12	CCDC167	0.31509	0.373	0.161	1.97E-276
12	SEC61G	0.31415	0.638	0.446	3.90E-164
12	CSTB	0.31396	0.625	0.439	1.07E-153
12	SERF2	0.31391	0.984	0.957	1.29E-178
12	SSR4	0.31365	0.818	0.669	1.38E-148
12	ELOB	0.31319	0.789	0.634	1.07E-153

12	ARHGDI	0.30800	0.666	0.477	3.52E-153
12	COPE	0.30621	0.571	0.376	5.89E-165
12	TUBA4A	0.30572	0.513	0.325	2.64E-150
12	EID1	0.30571	0.696	0.51	3.88E-150
12	NDUFA13	0.30557	0.767	0.6	4.26E-155
12	ITGB7	0.30522	0.448	0.255	2.48E-176
12	ARPC4	0.30513	0.611	0.445	3.03E-130
12	SLC25A5	0.30495	0.684	0.548	8.55E-94
12	FXVD5	0.30424	0.99	0.978	2.06E-179
12	TENT5C	0.30395	0.443	0.248	5.33E-175
12	NIBAN1	0.30362	0.273	0.075	0
12	RHOG	0.30206	0.577	0.39	9.16E-147
12	OAZ1	0.30150	0.91	0.817	5.08E-143
12	REEP5	0.30053	0.416	0.208	1.86E-221
12	TNFRSF4	0.29871	0.264	0.09	3.24E-295
12	SAT1	0.29853	0.558	0.415	1.98E-88
12	KRTCAP2	0.29807	0.76	0.593	1.79E-141
12	P4HB	0.29740	0.538	0.347	1.60E-154
12	UBE2L6	0.29545	0.469	0.283	1.87E-156
12	ATP5MF	0.29530	0.596	0.416	6.84E-139
12	PPIA	0.29460	0.983	0.962	1.10E-145
12	PSMB3	0.29445	0.543	0.344	5.25E-165
12	RNASEK	0.29345	0.82	0.674	1.16E-135
12	ARF5	0.29329	0.583	0.394	2.46E-153
12	ALDOA	0.29205	0.709	0.542	3.18E-129
12	FTH1	0.28975	0.999	0.999	6.63E-168
12	ICAM3	0.28964	0.711	0.554	1.17E-126
12	MGST3	0.28961	0.472	0.285	5.77E-159
12	SIT1	0.28754	0.371	0.185	1.45E-194
12	GNG5	0.28754	0.557	0.359	1.44E-156
12	PGK1	0.28639	0.678	0.512	5.86E-129
12	IL10RA	0.28622	0.526	0.33	3.26E-150
12	CHCHD2	0.28580	0.894	0.787	5.87E-140
12	GNB2	0.28526	0.533	0.338	1.59E-153
12	BRK1	0.28452	0.527	0.34	4.70E-148
12	TRAPPC1	0.28319	0.537	0.362	9.29E-131
12	CD5	0.28286	0.511	0.37	5.99E-93
12	PDIA6	0.28084	0.405	0.21	4.64E-195
12	NDUFB2	0.27946	0.641	0.46	1.08E-136
12	GMFG	0.27831	0.851	0.767	3.63E-93
12	SEC11C	0.27695	0.42	0.225	1.37E-188
12	CDC25B	0.27685	0.519	0.36	6.88E-111
12	BHLHE40	0.27591	0.285	0.111	2.24E-234
12	UBC	0.27374	0.993	0.975	2.23E-147
12	ARPC5	0.27315	0.554	0.403	2.16E-100
12	TTC39C-AS1	0.27286	0.223	0.069	1.78E-287
12	PSMB6	0.27240	0.487	0.299	7.01E-155
12	IFITM1	0.27231	0.968	0.984	3.86E-89
12	CTSH	0.27209	0.242	0.07	0
12	ISG15	0.27170	0.328	0.175	6.23E-137
12	STAT1	0.27139	0.38	0.234	1.53E-103

12	ATP6V0B	0.27135	0.427	0.236	8.20E-174
12	EIF4A1	0.27059	0.769	0.639	2.78E-96
12	ARF1	0.26955	0.722	0.577	2.15E-109
12	SELPLG	0.26943	0.587	0.428	5.68E-104
12	RGS19	0.26913	0.404	0.22	4.99E-168
12	MIF	0.26884	0.931	0.883	9.58E-118
12	CCDC107	0.26850	0.383	0.203	9.32E-172
12	TAP1	0.26727	0.378	0.219	1.44E-132
12	SPOCK2	0.26710	0.689	0.558	9.08E-86
12	ACTR3	0.26562	0.607	0.468	7.44E-89
12	PSMD8	0.26556	0.484	0.31	2.94E-133
12	TALDO1	0.26545	0.455	0.279	2.63E-141
12	VAMP8	0.26486	0.623	0.448	2.40E-122
12	YBX1	0.26381	0.878	0.783	1.52E-99
12	SYTL1	0.26366	0.481	0.315	1.28E-120
12	PSMB10	0.26327	0.55	0.393	2.06E-104
12	ATP5MD	0.26193	0.665	0.502	2.25E-111
12	HERPUD1	0.26082	0.436	0.274	1.31E-116
12	LINC00892	0.25928	0.214	0.052	0
12	PSMB8	0.25855	0.578	0.425	2.04E-98
12	UBL5	0.25733	0.729	0.593	2.21E-97
12	IFITM3	0.25732	0.395	0.268	1.45E-77
12	VSIR	0.25688	0.535	0.372	2.42E-110
12	ARL4C	0.25580	0.697	0.546	6.56E-89
12	LCK	0.25575	0.774	0.661	4.58E-85
12	ATP5MC3	0.25266	0.627	0.478	8.10E-98
12	ITGA4	0.25266	0.4	0.328	3.80E-30
12	UBB	0.25261	0.833	0.731	2.34E-87
12	COX7A2	0.25252	0.775	0.642	2.69E-101
12	ATP5PB	0.25246	0.56	0.407	3.80E-98
12	RILPL2	0.25134	0.343	0.183	5.86E-145
12	ENO1	0.25132	0.685	0.543	3.24E-94
12	CTSC	0.25130	0.369	0.196	4.84E-157
12	NDUFB10	0.24903	0.552	0.377	7.49E-120
12	CD69	0.24883	0.831	0.716	4.22E-79
12	ID2	0.24861	0.373	0.234	2.00E-89
12	LMO4	0.24853	0.181	0.042	0
12	CTSB	0.24832	0.352	0.19	5.26E-145
12	SH3BP5	0.24669	0.438	0.283	3.82E-107
12	ERN1	0.24606	0.273	0.113	1.89E-203
12	NDUFA6	0.24556	0.493	0.317	5.13E-127
12	PDIA3	0.24484	0.658	0.516	2.01E-90
12	TWF2	0.24449	0.405	0.241	6.37E-130
12	CCR6	0.24429	0.227	0.086	3.24E-198
12	H2AFV	0.24293	0.444	0.294	2.12E-99
12	CD63	0.24275	0.326	0.161	5.07E-166
12	PRELID1	0.24265	0.501	0.342	6.93E-108
12	COX7B	0.24213	0.57	0.413	1.37E-99
12	NDUFA1	0.24197	0.704	0.566	1.63E-93
12	CALR	0.24197	0.688	0.551	2.62E-78
12	ATP5F1C	0.24037	0.511	0.351	2.20E-103

12	UQCR11	0.24019	0.847	0.728	2.01E-93
12	CD3D	0.23962	0.898	0.834	1.98E-78
12	FUT7	0.23771	0.168	0.027	0
12	FBXW5	0.23717	0.363	0.194	1.14E-151
12	PDCD5	0.23717	0.428	0.27	1.27E-114
12	PSMA6	0.23548	0.457	0.294	1.41E-113
12	PLSCR3	0.23489	0.586	0.433	3.72E-91
12	BSG	0.23471	0.496	0.331	3.58E-112
12	PSMB1	0.23455	0.626	0.478	8.55E-94
12	SLF1	0.23446	0.206	0.064	1.12E-264
12	COX6C	0.23371	0.85	0.76	4.24E-82
12	PBXIP1	0.23281	0.56	0.425	1.28E-75
12	HIGD2A	0.23265	0.762	0.631	9.76E-82
12	C17orf49	0.23205	0.425	0.275	2.78E-97
12	GBP5	0.23174	0.297	0.185	4.10E-72
12	POMP	0.23154	0.434	0.277	1.35E-108
12	MIR4435-2HG	0.23107	0.18	0.044	0
12	ELOVL5	0.22977	0.37	0.216	1.20E-119
12	NR3C1	0.22961	0.468	0.313	1.03E-95
12	SUMO2	0.22917	0.837	0.737	2.21E-82
12	ARHGAP15	0.22908	0.626	0.482	3.40E-80
12	SYNE2	0.22829	0.538	0.392	2.51E-79
12	COX6B1	0.22820	0.833	0.728	5.89E-80
12	BIN2	0.22724	0.639	0.503	3.49E-77
12	SEPTIN11	0.22712	0.184	0.041	0
12	ABRACL	0.22698	0.524	0.371	6.68E-92
12	CTSA	0.22652	0.289	0.16	6.74E-102
12	COX8A	0.22579	0.675	0.546	4.99E-73
12	COPS9	0.22560	0.508	0.354	8.36E-96
12	NDUFA12	0.22524	0.522	0.379	3.41E-86
12	HCLS1	0.22499	0.709	0.6	2.78E-67
12	EML4	0.22480	0.567	0.431	2.23E-73
12	SPTAN1	0.22449	0.416	0.266	1.11E-97
12	SHISA5	0.22385	0.53	0.392	3.36E-78
12	TNFSF10	0.22383	0.262	0.117	4.26E-165
12	M6PR	0.22377	0.466	0.315	1.02E-94
12	MAP1LC3B	0.22368	0.491	0.333	1.62E-98
12	CCR10	0.22355	0.112	0.012	0
12	OSTF1	0.22339	0.441	0.291	3.41E-97
12	PTPRCAP	0.22309	0.579	0.446	4.45E-71
12	NFKBIA	0.22303	0.809	0.683	1.60E-88
12	SEC11A	0.22290	0.449	0.303	3.09E-92
12	VDAC1	0.22265	0.361	0.207	4.96E-122
12	UBE2L3	0.22236	0.474	0.322	5.35E-95
12	OGDH	0.22235	0.288	0.137	1.24E-157
12	HSP90AA1	0.22130	0.877	0.799	8.88E-72
12	CD44	0.22064	0.745	0.631	6.15E-65
12	ZFP36L1	0.21999	0.51	0.39	9.85E-58
12	IQGAP1	0.21988	0.417	0.268	1.08E-97
12	PLEC	0.21936	0.249	0.112	1.43E-152
12	CSK	0.21822	0.409	0.272	7.15E-85

12	ZFP36L2	0.21813	0.954	0.943	6.40E-47
12	SUMO1	0.21781	0.463	0.311	1.71E-96
12	EIF3A	0.21754	0.486	0.351	2.50E-72
12	ADAM8	0.21699	0.245	0.098	3.61E-194
12	AIRE	0.21693	0.11	0.01	0
12	TMX4	0.21666	0.374	0.227	3.22E-104
12	PPP4C	0.21657	0.365	0.217	8.52E-110
12	SPN	0.21628	0.356	0.209	2.92E-109
12	CDKN2D	0.21567	0.327	0.18	6.16E-121
12	NDUFC2	0.21544	0.481	0.322	2.12E-98
12	PSMA5	0.21527	0.357	0.209	7.15E-112
12	DEK	0.21519	0.494	0.359	5.38E-74
12	PPM1G	0.21518	0.429	0.279	6.72E-97
12	COX5B	0.21407	0.741	0.616	2.67E-75
12	GNAI2	0.21328	0.393	0.24	1.58E-106
12	EVL	0.21126	0.853	0.783	1.55E-56
12	GLUL	0.21126	0.224	0.098	8.71E-145
12	BLVRA	0.21109	0.239	0.1	4.37E-175
12	ITGB1BP1	0.21063	0.324	0.172	7.43E-134
12	UQCR10	0.21033	0.652	0.515	1.03E-73
12	RHOF	0.21012	0.443	0.297	1.29E-87
12	PI16	0.20942	0.201	0.071	3.02E-201
12	PSMB2	0.20855	0.321	0.176	4.17E-121
12	SNRPB	0.20850	0.564	0.424	2.64E-76
12	BIN1	0.20849	0.577	0.453	5.40E-64
12	DIAPH1	0.20848	0.323	0.177	6.00E-120
12	TMEM258	0.20828	0.649	0.507	6.20E-79
12	ARL6IP5	0.20807	0.761	0.654	5.02E-62
12	POLR2L	0.20797	0.595	0.453	2.81E-75
12	NDUFB7	0.20793	0.457	0.319	1.10E-80
12	UQCRQ	0.20778	0.537	0.39	4.84E-79
12	MVP	0.20758	0.395	0.253	3.33E-92
12	MFSD10	0.20691	0.321	0.178	3.71E-115
12	PRNP	0.20606	0.338	0.194	2.53E-109
12	TLN1	0.20592	0.344	0.197	4.08E-111
12	FAS	0.20513	0.236	0.095	1.78E-180
12	PARK7	0.20491	0.586	0.459	4.33E-64
12	ISG20	0.20444	0.635	0.529	8.86E-51
12	ATP2B1	0.20408	0.299	0.162	6.93E-113
12	PSMC5	0.20405	0.497	0.364	1.05E-72
12	APOBEC3G	0.20375	0.252	0.109	1.58E-168
12	TMEM59	0.20357	0.547	0.415	1.86E-70
12	TMEM173	0.20311	0.37	0.238	1.34E-84
12	NEDD8	0.20307	0.601	0.461	1.08E-73
12	NDUFA11	0.20303	0.66	0.535	7.64E-68
12	RPN1	0.20208	0.41	0.266	1.41E-90
12	CD6	0.20189	0.53	0.42	1.28E-51
12	VASP	0.20175	0.326	0.19	4.85E-101
12	LIMS1	0.20088	0.344	0.233	6.55E-59
12	WDR83OS	0.20082	0.538	0.389	8.65E-81
12	ATP2B4	0.20064	0.234	0.1	1.31E-160

12	NDUFB8	0.20063	0.622	0.501	2.08E-62
12	AP2M1	0.20046	0.487	0.348	5.20E-77
12	CHMP2A	0.20044	0.332	0.193	1.75E-103
12	H2AFZ	0.20029	0.561	0.448	1.31E-51
12	CDC42	0.20019	0.736	0.63	3.32E-56
12	PHPT1	0.20005	0.303	0.17	3.74E-104
12	CD27	-0.20113	0.307	0.465	1.39E-71
12	NDFIP1	-0.20622	0.5	0.568	1.08E-34
12	FHIT	-0.20627	0.104	0.225	1.49E-70
12	LBH	-0.20799	0.323	0.435	3.28E-48
12	SNHG8	-0.20836	0.535	0.619	4.97E-39
12	EIF3E	-0.21360	0.744	0.792	9.25E-51
12	BTG1	-0.21503	0.957	0.983	1.41E-71
12	TXK	-0.21871	0.051	0.191	1.22E-105
12	EIF4B	-0.22332	0.663	0.74	2.33E-54
12	MBNL1	-0.22493	0.629	0.703	2.67E-48
12	ABLIM1	-0.22723	0.279	0.388	4.26E-49
12	PNRC1	-0.22827	0.844	0.898	9.65E-65
12	FOSB	-0.22952	0.288	0.371	3.32E-32
12	AIF1	-0.23155	0.02	0.151	4.10E-111
12	ACTN1	-0.23466	0.038	0.186	3.15E-120
12	NACA	-0.23501	1	1	1.65E-168
12	NOP53	-0.23747	0.841	0.9	6.19E-82
12	ZFAS1	-0.23839	0.681	0.758	1.10E-65
12	SNHG6	-0.24179	0.758	0.834	3.11E-73
12	NPM1	-0.24201	0.969	0.981	3.99E-102
12	OXNAD1	-0.24941	0.268	0.402	1.36E-70
12	MAL	-0.25155	0.451	0.6	2.30E-76
12	LINC00861	-0.25265	0.307	0.436	1.11E-64
12	SARAF	-0.26233	0.97	0.984	4.30E-114
12	AL138963.4	-0.26355	0.281	0.302	1.03195179416
12	PLAC8	-0.26577	0.101	0.271	5.21E-121
12	ADTRP	-0.27214	0.026	0.187	2.92E-143
12	SATB1	-0.27750	0.115	0.284	4.00E-119
12	TOMM7	-0.29387	0.967	0.988	3.36E-164
12	CD7	-0.30700	0.431	0.597	3.15E-94
12	GAS5	-0.33087	0.827	0.914	1.07E-150
12	EEF1G	-0.34990	0.983	0.997	1.28E-267
12	FOXP1	-0.35146	0.437	0.598	5.38E-124
12	LEF1	-0.35491	0.371	0.537	3.11E-120
12	FCMR	-0.36314	0.304	0.508	1.50E-148
12	SNHG29	-0.36640	0.87	0.931	5.26E-181
12	TXNIP	-0.37384	0.886	0.961	1.57E-116
12	PIK3IP1	-0.37896	0.404	0.579	1.50E-141
12	PABPC1	-0.38973	0.973	0.99	1.23E-273
12	PRKCQ-AS1	-0.41833	0.282	0.485	1.06E-156
12	C12orf57	-0.45462	0.749	0.881	1.55E-234
12	JUN	-0.45941	0.814	0.848	1.98E-42
12	TCF7	-0.48775	0.384	0.615	1.76E-221
12	CCR7	-0.54604	0.129	0.424	7.61E-302
12	EEF1B2	-0.56952	0.984	0.999	0

12	MALAT1	-0.58482	0.991	0.999	3.59E-275
12	SELL	-0.59432	0.299	0.634	0

avg_log2FC, log2 de la tasa de cambio de la expresión media entre los 2 grupos comparados; pct. 1

Tabla 6. Marcadores de expresión de los subtipos de células T CD4+ identificados. Seis were identified based on expression of canonical cell markers.

Tipo celular	Gen	avg_log2FC	pct.1	pct.2	p_val_adj
TN	CCR7	0.52669	0.555	0.257	0
TN	AL138963.4	0.52554	0.332	0.268	1.44E-242
TN	CD7	0.46590	0.699	0.471	0
TN	TCF7	0.46090	0.717	0.485	0
TN	NOSIP	0.44432	0.848	0.672	0
TN	PRKCQ-AS1	0.42237	0.583	0.36	0
TN	EEF1B2	0.41513	1	0.996	0
TN	LEF1	0.39581	0.636	0.416	0
TN	GAS5	0.39566	0.951	0.866	0
TN	SELL	0.35479	0.732	0.501	0
TN	SNHG29	0.35357	0.958	0.897	0
TN	TXNIP	0.34203	0.979	0.936	0
TN	PIK3IP1	0.32308	0.651	0.486	0
TN	FHIT	0.30464	0.313	0.119	0
TN	ABLIM1	0.30340	0.463	0.295	0
TN	NDFIP1	0.30294	0.633	0.491	0
TN	AIF1	0.30164	0.231	0.052	0
TN	OXNAD1	0.29660	0.478	0.307	0
TN	PABPC1	0.29185	0.996	0.982	0
TN	RGS10	0.28798	0.627	0.478	0
TN	EEF1G	0.28535	0.999	0.993	0
TN	NPM1	0.27544	0.988	0.972	0
TN	EIF3E	0.27513	0.833	0.743	0
TN	ADTRP	0.27283	0.262	0.092	0
TN	SATB1	0.26882	0.359	0.189	0
TN	TSHZ2	0.26819	0.342	0.168	0
TN	NACA	0.26347	1	1	0
TN	LINC00861	0.25640	0.496	0.359	0
TN	SNHG8	0.24582	0.665	0.561	0
TN	ACTN1	0.24240	0.257	0.096	0
TN	SARAF	0.23929	0.99	0.976	0
TN	C12orf57	0.23735	0.905	0.845	0
TN	NUCB2	0.23387	0.331	0.183	0
TN	ST13	0.23367	0.646	0.538	0
TN	GIMAP1	0.23223	0.475	0.346	0
TN	TRABD2A	0.22633	0.336	0.191	0
TN	TMIGD2	0.22510	0.194	0.041	0
TN	IL6ST	0.22420	0.344	0.202	0
TN	NOP53	0.22045	0.919	0.875	0
TN	MBNL1	0.21958	0.742	0.654	0
TN	CAMK4	0.21640	0.526	0.405	0
TN	FOXP1	0.21584	0.651	0.527	0
TN	PCED1B	0.21008	0.303	0.179	0
TN	LDHB	0.20944	0.975	0.935	0
TN	EIF2S3	0.20512	0.595	0.491	0
TN	COX4I1	0.20316	0.985	0.974	0

TN	BTG2	-0.20052	0.461	0.55	4.01E-259
TN	PDIA6	-0.20053	0.153	0.288	0
TN	TTC39C-AS1	-0.20084	0.023	0.131	0
TN	EIF4A1	-0.20140	0.6	0.692	0
TN	NIBAN1	-0.20165	0.02	0.15	0
TN	MYL12B	-0.20171	0.705	0.787	0
TN	PDE4D	-0.20304	0.117	0.222	0
TN	C4orf48	-0.20311	0.127	0.26	0
TN	RABAC1	-0.20437	0.36	0.486	0
TN	LTB	-0.20469	0.981	0.948	6.28E-113
TN	ARHGAP15	-0.20583	0.44	0.54	0
TN	ITGA4	-0.20613	0.294	0.371	4.04E-225
TN	ATP2B1	-0.20614	0.105	0.235	0
TN	CAPZB	-0.20646	0.568	0.659	0
TN	TTC39C	-0.20770	0.275	0.399	0
TN	CTSA	-0.20784	0.11	0.225	0
TN	ERN1	-0.20832	0.057	0.188	0
TN	ALDOA	-0.20835	0.496	0.606	0
TN	PIK3R1	-0.20921	0.461	0.556	0
TN	SELPLG	-0.20987	0.378	0.496	0
TN	EIF1	-0.21016	1	1	0
TN	PDIA3	-0.21044	0.468	0.579	0
TN	SUB1	-0.21078	0.574	0.671	0
TN	UBL5	-0.21118	0.544	0.657	0
TN	SLC2A3	-0.21230	0.557	0.631	2.33E-223
TN	RNASEK	-0.21306	0.631	0.732	0
TN	DOK2	-0.21333	0.178	0.312	0
TN	TMX4	-0.21607	0.165	0.306	0
TN	SEC61G	-0.21692	0.391	0.521	0
TN	GBP5	-0.21730	0.14	0.244	0
TN	PAXX	-0.21747	0.261	0.39	0
TN	TUBA4A	-0.21784	0.277	0.391	0
TN	MSN	-0.21913	0.348	0.467	0
TN	RHOA	-0.22098	0.745	0.82	0
TN	TBCB	-0.22141	0.248	0.395	0
TN	ZFP36L1	-0.22147	0.346	0.448	0
TN	TMEM50A	-0.22157	0.328	0.468	0
TN	KRTCAP2	-0.22163	0.544	0.661	0
TN	CITED2	-0.22177	0.323	0.413	2.71E-263
TN	PRDX1	-0.22201	0.256	0.394	0
TN	TSPO	-0.22270	0.467	0.586	0
TN	TGFB1	-0.22354	0.189	0.328	0
TN	ACTN4	-0.22483	0.074	0.215	0
TN	DYNLL1	-0.22494	0.194	0.331	0
TN	ATP5F1E	-0.22517	0.956	0.975	0
TN	CALR	-0.22576	0.505	0.612	0
TN	CDKN1A	-0.22631	0.02	0.128	0
TN	CLDND1	-0.22656	0.164	0.3	0
TN	PRF1	-0.22714	0.017	0.107	0
TN	NR3C1	-0.22741	0.258	0.386	0
TN	HCST	-0.22799	0.684	0.742	9.28E-272

TN	PSME2	-0.22808	0.455	0.574	0
TN	P4HB	-0.22962	0.288	0.426	0
TN	CALM2	-0.23050	0.428	0.564	0
TN	RILPL2	-0.23079	0.121	0.264	0
TN	PPDPF	-0.23152	0.9	0.936	0
TN	TPI1	-0.23214	0.447	0.575	0
TN	COX6A1	-0.23234	0.636	0.746	0
TN	ANXA6	-0.23276	0.418	0.546	0
TN	CKLF	-0.23280	0.198	0.346	0
TN	PSMB9	-0.23438	0.441	0.56	0
TN	TNFRSF4	-0.23467	0.03	0.169	0
TN	LIME1	-0.23501	0.652	0.748	0
TN	DBI	-0.23535	0.283	0.431	0
TN	EML4	-0.23619	0.375	0.503	0
TN	ARHGDI A	-0.23790	0.417	0.557	0
TN	PPP1R18	-0.23822	0.198	0.347	0
TN	PGAM1	-0.23908	0.262	0.416	0
TN	TNFRSF1B	-0.24043	0.098	0.247	0
TN	RHOG	-0.24061	0.328	0.473	0
TN	OAZ1	-0.24072	0.785	0.859	0
TN	CORO1B	-0.24078	0.34	0.465	0
TN	CTSC	-0.24131	0.139	0.273	0
TN	CCR6	-0.24301	0.028	0.161	0
TN	H3F3A	-0.24307	0.799	0.863	0
TN	IRF1	-0.24322	0.363	0.473	0
TN	SELENOK	-0.24438	0.363	0.51	0
TN	EMB	-0.24523	0.259	0.41	0
TN	SLC9A3R1	-0.24638	0.275	0.412	0
TN	CTSW	-0.24664	0.209	0.28	3.09E-233
TN	NPDC1	-0.24783	0.041	0.188	0
TN	REEP5	-0.24792	0.137	0.303	0
TN	UBB	-0.25059	0.689	0.784	0
TN	SPOCK2	-0.25144	0.503	0.629	0
TN	ACTG1	-0.25543	0.977	0.982	0
TN	PBXIP1	-0.25830	0.364	0.503	0
TN	SRSF7	-0.25868	0.6	0.709	0
TN	RORA	-0.25881	0.198	0.353	0
TN	LY6E	-0.25978	0.534	0.651	0
TN	ARF1	-0.25996	0.517	0.655	0
TN	CAPN2	-0.26599	0.214	0.383	0
TN	MYO1F	-0.26671	0.026	0.196	0
TN	ARPC3	-0.26765	0.708	0.804	0
TN	IDS	-0.27106	0.29	0.455	0
TN	LYAR	-0.27307	0.076	0.217	0
TN	PSME1	-0.27319	0.773	0.856	0
TN	CAST	-0.27326	0.302	0.466	0
TN	MYH9	-0.27391	0.475	0.603	0
TN	DUSP4	-0.27716	0.013	0.139	0
TN	AQP3	-0.27743	0.349	0.465	0
TN	ITGB2	-0.27876	0.506	0.61	0
TN	GUK1	-0.27898	0.443	0.601	0

TN	MCL1	-0.27953	0.336	0.488	0
TN	CD82	-0.28125	0.132	0.311	0
TN	LRRFIP1	-0.28320	0.398	0.555	0
TN	ID2	-0.28504	0.179	0.305	0
TN	TRADD	-0.28575	0.261	0.436	0
TN	MYO1G	-0.28627	0.178	0.351	0
TN	HOPX	-0.28827	0.01	0.137	0
TN	YWHAB	-0.28992	0.714	0.814	0
TN	TPM3	-0.29607	0.714	0.817	0
TN	EID1	-0.29618	0.434	0.608	0
TN	OPTN	-0.29935	0.216	0.404	0
TN	C12orf75	-0.30133	0.06	0.232	0
TN	LSP1	-0.30136	0.674	0.774	0
TN	ITM2A	-0.30482	0.269	0.418	0
TN	PMAIP1	-0.30849	0.053	0.195	0
TN	LDHA	-0.30885	0.484	0.635	0
TN	PPP2R5C	-0.31048	0.243	0.422	0
TN	LCP1	-0.31095	0.468	0.614	0
TN	H3F3B	-0.31239	0.969	0.988	0
TN	HERPUD1	-0.31452	0.196	0.373	0
TN	CYTOR	-0.32036	0.021	0.193	0
TN	TUBB4B	-0.32083	0.182	0.362	0
TN	LGALS3	-0.32260	0.017	0.172	0
TN	CD2	-0.32394	0.435	0.603	0
TN	MYADM	-0.32752	0.196	0.366	0
TN	YWHAZ	-0.32993	0.757	0.863	0
TN	TIMP1	-0.33163	0.217	0.396	0
TN	GLIPR1	-0.33580	0.143	0.342	0
TN	IFITM2	-0.33741	0.629	0.73	0
TN	HSP90AA1	-0.33978	0.748	0.861	0
TN	PLP2	-0.34116	0.455	0.614	0
TN	ALOX5AP	-0.34170	0.189	0.381	0
TN	ANXA5	-0.34269	0.166	0.377	0
TN	PPP1CA	-0.34432	0.377	0.565	0
TN	PPIB	-0.34785	0.622	0.766	0
TN	HSPA5	-0.35205	0.58	0.717	0
TN	BHLHE40	-0.35331	0.033	0.211	0
TN	CYBA	-0.35509	0.584	0.73	0
TN	HLA-DPB1	-0.35613	0.081	0.255	0
TN	ARPC2	-0.35663	0.623	0.762	0
TN	SYNE2	-0.35667	0.307	0.498	0
TN	TSC22D3	-0.35723	0.934	0.958	0
TN	ARL4C	-0.36150	0.468	0.643	0
TN	IL2RG	-0.36160	0.711	0.829	0
TN	SEC61B	-0.36418	0.323	0.533	0
TN	IER2	-0.36915	0.547	0.704	0
TN	CSRNP1	-0.36947	0.228	0.429	0
TN	GATA3	-0.36948	0.177	0.364	0
TN	YWHAQ	-0.37261	0.26	0.468	0
TN	HLA-DPA1	-0.37344	0.07	0.251	0
TN	GADD45B	-0.37367	0.381	0.528	0

TN	TXN	-0.38474	0.187	0.415	0
TN	SAT1	-0.38508	0.342	0.507	0
TN	TENT5C	-0.39221	0.144	0.378	0
TN	DDIT4	-0.39811	0.377	0.54	0
TN	CFL1	-0.40000	0.956	0.984	0
TN	HLA-DRB1	-0.40466	0.023	0.186	0
TN	HLA-B	-0.40844	1	1	0
TN	ZFP36L2	-0.41814	0.935	0.954	0
TN	GSTK1	-0.42140	0.734	0.86	0
TN	JUN	-0.42634	0.806	0.891	0
TN	NR4A2	-0.44017	0.292	0.489	0
TN	JUNB	-0.44289	0.97	0.983	0
TN	RGS1	-0.44404	0.081	0.279	0
TN	HLA-C	-0.44635	0.999	1	0
TN	IL10RA	-0.45256	0.211	0.476	0
TN	CALM1	-0.45655	0.938	0.979	0
TN	FLNA	-0.46775	0.241	0.487	0
TN	CD69	-0.47547	0.648	0.8	0
TN	UBC	-0.47621	0.962	0.99	0
TN	TMSB4X	-0.48064	1	1	0
TN	CXCR4	-0.48856	0.807	0.897	0
TN	MYL6	-0.49065	0.798	0.908	0
TN	ARPC1B	-0.49250	0.572	0.77	0
TN	LMNA	-0.50173	0.037	0.286	0
TN	HLA-A	-0.51610	0.999	1	0
TN	GZMK	-0.52295	0.012	0.132	0
TN	EZR	-0.52759	0.326	0.599	0
TN	B2M	-0.53314	1	1	0
TN	COTL1	-0.53689	0.47	0.69	0
TN	RGCC	-0.53709	0.325	0.509	0
TN	ACTB	-0.53830	0.999	1	0
TN	PPP1R15A	-0.54788	0.647	0.84	0
TN	CD52	-0.55212	0.985	0.995	0
TN	ANXA2	-0.55977	0.079	0.4	0
TN	GAPDH	-0.56162	0.924	0.977	0
TN	VIM	-0.56857	0.966	0.985	0
TN	FTH1	-0.57388	0.998	1	0
TN	PFN1	-0.58974	0.986	0.997	0
TN	CLIC1	-0.59300	0.382	0.661	0
TN	FOS	-0.59605	0.865	0.929	0
TN	TAGLN2	-0.60614	0.662	0.853	0
TN	EMP3	-0.61505	0.679	0.876	0
TN	S100A6	-0.63119	0.856	0.947	0
TN	DUSP1	-0.63123	0.795	0.922	0
TN	S100A11	-0.63135	0.182	0.517	0
TN	CST7	-0.65795	0.02	0.25	0
TN	GZMA	-0.66765	0.014	0.202	0
TN	CD99	-0.68403	0.476	0.76	0
TN	TNFAIP3	-0.70897	0.694	0.852	0
TN	DUSP2	-0.72624	0.279	0.531	0
TN	CD74	-0.73055	0.588	0.746	0

TN	SRGN	-0.73975	0.538	0.807	0
TN	AHNAK	-0.78276	0.318	0.685	0
TN	ITGB1	-0.78752	0.182	0.597	0
TN	ANXA1	-0.79309	0.457	0.725	0
TN	KLRB1	-0.81984	0.072	0.322	0
TN	KLF6	-0.85902	0.618	0.876	0
TN	S100A10	-0.88689	0.692	0.904	0
TN	IL32	-0.92020	0.895	0.978	0
TN	NFKBIA	-0.95794	0.587	0.799	0
TN	SH3BGRL3	-0.96733	0.915	0.987	0
TN	LGALS1	-1.00597	0.112	0.458	0
TN	CRIP1	-1.03656	0.76	0.93	0
TN	ZFP36	-1.19012	0.633	0.861	0
TN	NKG7	-1.26183	0.015	0.129	0
TN	CCL5	-1.44566	0.027	0.242	0
TN	S100A4	-1.55230	0.736	0.961	0
CTL	GNLY	4.24476	0.862	0.016	0
CTL	NKG7	3.94181	0.973	0.028	0
CTL	CCL5	3.32268	0.983	0.089	0
CTL	GZMH	2.88338	0.897	0.007	0
CTL	CST7	2.10992	0.936	0.092	0
CTL	GZMA	2.08715	0.909	0.066	0
CTL	FGFBP2	1.82732	0.765	0.002	0
CTL	S100A4	1.47134	0.991	0.836	0
CTL	SH3BGRL3	1.33334	1	0.947	0
CTL	CTSW	1.32766	0.789	0.218	0
CTL	PRF1	1.29773	0.683	0.031	0
CTL	CCL4	1.27427	0.463	0.002	0
CTL	GZMB	1.21367	0.495	0.001	0
CTL	LGALS1	1.16831	0.714	0.256	0
CTL	CD99	1.11868	0.938	0.595	0
CTL	ITGB2	1.04814	0.887	0.54	0
CTL	HLA-C	1.03726	1	0.999	0
CTL	CD74	1.03556	0.845	0.654	0
CTL	PFN1	1.02539	1	0.991	0
CTL	HOPX	1.00304	0.562	0.048	0
CTL	HCST	0.95258	0.925	0.701	0
CTL	KLRB1	0.92397	0.49	0.177	0
CTL	GZMM	0.91144	0.773	0.328	0
CTL	ACTB	0.90389	1	0.999	0
CTL	PLEK	0.89987	0.518	0.015	0
CTL	HLA-DPA1	0.89152	0.638	0.134	0
CTL	IFITM2	0.88514	0.891	0.667	0
CTL	HLA-DPB1	0.86153	0.64	0.142	0
CTL	CLIC1	0.84817	0.84	0.5	0
CTL	FLNA	0.84590	0.737	0.34	0
CTL	HLA-DRB1	0.84361	0.511	0.082	0
CTL	IL32	0.82094	0.997	0.932	0
CTL	CD52	0.80650	1	0.989	0
CTL	C12orf75	0.80453	0.598	0.12	0
CTL	B2M	0.80288	1	1	0

CTL	DUSP2	0.79460	0.643	0.387	0
CTL	HLA-B	0.79174	1	1	0
CTL	CTSC	0.78521	0.605	0.184	0
CTL	S100A6	0.77368	0.978	0.896	0
CTL	ZEB2	0.75929	0.454	0.006	0
CTL	CFL1	0.74915	0.995	0.968	0
CTL	NFKBIA	0.74632	0.859	0.679	0
CTL	MYL6	0.74115	0.968	0.845	0
CTL	SPON2	0.73935	0.389	0.022	0
CTL	EFHD2	0.73917	0.5	0.061	0
CTL	SRGN	0.72942	0.913	0.654	0
CTL	YWHAQ	0.72288	0.704	0.343	0
CTL	ADGRG1	0.71330	0.41	0.001	0
CTL	BHLHE40	0.70927	0.486	0.101	0
CTL	S100A10	0.70689	0.958	0.785	0
CTL	HLA-A	0.70587	1	0.999	0
CTL	LITAF	0.70231	0.794	0.522	0
CTL	CYBA	0.69333	0.861	0.643	0
CTL	AHNAK	0.68085	0.783	0.478	0
CTL	CALM1	0.66931	0.995	0.956	0
CTL	LSP1	0.66184	0.9	0.713	0
CTL	ARPC2	0.64529	0.877	0.68	0
CTL	KLRG1	0.63480	0.456	0.086	0
CTL	RAP1B	0.62507	0.705	0.425	0
CTL	MSN	0.61345	0.675	0.392	0
CTL	LCP1	0.60754	0.759	0.527	0
CTL	SLC9A3R1	0.59857	0.628	0.327	0
CTL	LYAR	0.59035	0.488	0.127	0
CTL	CALR	0.58977	0.742	0.547	0
CTL	PPP1CA	0.58719	0.727	0.454	0
CTL	GAPDH	0.58580	0.991	0.947	0
CTL	LY6E	0.58089	0.798	0.58	0
CTL	EMP3	0.57907	0.917	0.765	0
CTL	GSTP1	0.56894	0.624	0.315	0
CTL	ITGB1	0.55013	0.675	0.365	0
CTL	IL2RG	0.53391	0.9	0.76	0
CTL	TMSB4X	0.52766	1	1	0
CTL	ARPC1B	0.52705	0.831	0.658	0
CTL	MYO1F	0.52099	0.417	0.092	0
CTL	ID2	0.51634	0.505	0.226	0
CTL	ANXA1	0.51503	0.827	0.573	0
CTL	MYL12B	0.50655	0.883	0.737	0
CTL	ZNF683	0.50628	0.184	0.004	0
CTL	PAXX	0.50110	0.589	0.31	0
CTL	TPM3	0.49637	0.884	0.757	0
CTL	HLA-DRB5	0.49129	0.315	0.037	0
CTL	SAMD3	0.49105	0.391	0.08	0
CTL	SYNE1	0.48870	0.424	0.151	0
CTL	PPIB	0.48308	0.839	0.684	0
CTL	MYL12A	0.48302	0.984	0.95	0
CTL	IRF1	0.48201	0.626	0.405	2.03E-266

CTL	CD320	0.47858	0.427	0.15	0
CTL	CYTOR	0.47257	0.388	0.089	0
CTL	TGFBR3	0.46378	0.341	0.054	0
CTL	DBI	0.45482	0.596	0.342	0
CTL	MYO1G	0.45254	0.51	0.248	0
CTL	CRIP1	0.45041	0.941	0.836	1.70E-271
CTL	PSME1	0.44675	0.915	0.808	0
CTL	PTPRC	0.44508	0.945	0.875	0
CTL	MATK	0.43944	0.306	0.028	0
CTL	CX3CR1	0.43606	0.256	0.001	0
CTL	SYNE2	0.43511	0.61	0.388	1.25E-278
CTL	GZMK	0.43413	0.17	0.064	1.51E-181
CTL	S100A11	0.43342	0.577	0.33	0
CTL	ACTN4	0.42962	0.404	0.128	0
CTL	MAP3K8	0.42941	0.285	0.038	0
CTL	UBB	0.42807	0.863	0.728	2.13E-285
CTL	CMC1	0.42580	0.256	0.068	0
CTL	APOBEC3G	0.42579	0.365	0.102	0
CTL	RNF213	0.42554	0.59	0.364	1.27E-300
CTL	SPN	0.42456	0.449	0.203	0
CTL	RHOA	0.42438	0.883	0.776	0
CTL	CD3D	0.42176	0.914	0.832	0
CTL	PDIA3	0.41984	0.682	0.513	7.04E-235
CTL	RHOC	0.41906	0.345	0.088	0
CTL	CD2	0.41812	0.692	0.506	3.03E-243
CTL	S1PR5	0.41749	0.268	0.001	0
CTL	FCRL6	0.41748	0.269	0.002	0
CTL	ARPC3	0.41543	0.872	0.748	1.37E-294
CTL	PPIA	0.41375	0.988	0.961	0
CTL	HLA-E	0.41334	0.996	0.989	0
CTL	GNG2	0.40651	0.492	0.249	0
CTL	TGFB1	0.40531	0.49	0.244	0
CTL	SERF2	0.39941	0.985	0.956	0
CTL	GUK1	0.39487	0.703	0.509	5.61E-263
CTL	PPP1R18	0.39408	0.489	0.258	0
CTL	H3F3A	0.39260	0.916	0.826	4.21E-292
CTL	PSMB9	0.39074	0.66	0.49	4.02E-212
CTL	ANXA6	0.38937	0.647	0.471	1.82E-213
CTL	ARPC5L	0.38592	0.438	0.207	0
CTL	ANXA2	0.38568	0.479	0.22	0
CTL	ITGAL	0.38466	0.383	0.148	0
CTL	HSPA5	0.38460	0.775	0.639	3.59E-156
CTL	RUNX3	0.38316	0.353	0.111	0
CTL	CAP1	0.38210	0.641	0.468	1.23E-208
CTL	APMAP	0.38023	0.346	0.094	0
CTL	RASSF1	0.37804	0.386	0.157	0
CTL	UBC	0.37706	0.995	0.975	0
CTL	GBP5	0.37644	0.409	0.179	0
CTL	KLF6	0.37612	0.887	0.733	9.90E-215
CTL	PRSS23	0.37565	0.241	0	0
CTL	CTSD	0.37312	0.49	0.268	0

CTL	HLA-F	0.36899	0.658	0.489	2.99E-198
CTL	CD63	0.36758	0.395	0.156	0
CTL	C1orf21	0.36700	0.242	0.001	0
CTL	KLF3	0.36646	0.573	0.398	3.45E-187
CTL	PLAAT4	0.36645	0.729	0.593	2.75E-186
CTL	CHST12	0.36638	0.303	0.064	0
CTL	TLN1	0.35360	0.401	0.193	0
CTL	TNF	0.35231	0.201	0.059	0
CTL	ARPC4	0.35078	0.609	0.443	1.34E-181
CTL	PGAM1	0.34918	0.534	0.326	1.28E-247
CTL	DNAJC1	0.34737	0.35	0.127	0
CTL	MYH9	0.34658	0.67	0.529	8.41E-141
CTL	TPST2	0.34593	0.296	0.072	0
CTL	IFNG	0.34487	0.193	0.014	0
CTL	HSP90AA1	0.34250	0.881	0.798	1.05E-178
CTL	SYTL3	0.34219	0.362	0.149	0
CTL	RAC2	0.34182	0.917	0.858	1.45E-207
CTL	CXCR4	0.34169	0.908	0.847	3.11E-144
CTL	CD3G	0.34038	0.778	0.658	5.14E-169
CTL	HLA-DRA	0.34011	0.171	0.029	0
CTL	ATP5F1E	0.33681	0.984	0.964	1.07E-255
CTL	YWHAZ	0.33434	0.888	0.803	1.06E-197
CTL	CD53	0.33265	0.609	0.44	6.94E-182
CTL	PSME2	0.33140	0.651	0.505	8.94E-157
CTL	CAPZB	0.33017	0.733	0.606	1.83E-160
CTL	STOM	0.32842	0.303	0.086	0
CTL	ACTG1	0.32699	0.988	0.979	8.13E-130
CTL	MIR4435-2HG	0.32333	0.247	0.04	0
CTL	CORO1A	0.32282	0.932	0.896	6.30E-161
CTL	TNFRSF1B	0.32052	0.367	0.159	0
CTL	ADGRE5	0.31988	0.493	0.324	5.59E-166
CTL	ZBTB38	0.31902	0.355	0.159	2.32E-303
CTL	OAZ1	0.31819	0.894	0.816	7.71E-193
CTL	SASH3	0.31634	0.357	0.161	1.41E-303
CTL	BIN2	0.31572	0.643	0.501	9.50E-141
CTL	BSG	0.31378	0.516	0.328	4.17E-206
CTL	DHRS7	0.31342	0.514	0.338	7.10E-184
CTL	TUBA4A	0.31336	0.49	0.324	2.46E-158
CTL	CAST	0.31241	0.541	0.372	2.40E-159
CTL	RORA	0.31132	0.443	0.264	1.79E-193
CTL	IQGAP1	0.31062	0.454	0.265	8.31E-212
CTL	PPP2R5C	0.30642	0.5	0.32	6.18E-176
CTL	CAPN2	0.30603	0.466	0.286	4.93E-190
CTL	P4HB	0.30533	0.516	0.346	1.15E-166
CTL	ITGA4	0.30513	0.525	0.322	3.97E-195
CTL	ZFP36	0.30508	0.872	0.735	3.84E-150
CTL	CDK2AP2	0.30487	0.368	0.187	3.83E-236
CTL	SERTAD1	0.29817	0.389	0.219	3.58E-190
CTL	REEP5	0.29750	0.406	0.207	9.97E-262
CTL	IFITM1	0.29520	0.994	0.983	7.22E-148
CTL	RABAC1	0.29486	0.572	0.413	1.58E-144

CTL	IFITM3	0.29391	0.359	0.268	7.65E-63
CTL	LAIR2	0.29327	0.157	0.022	0
CTL	PYHIN1	0.29111	0.301	0.116	0
CTL	TXN	0.29038	0.48	0.287	1.81E-200
CTL	LDHA	0.29034	0.674	0.55	7.11E-112
CTL	PTP4A2	0.29022	0.464	0.284	2.24E-186
CTL	ELOB	0.28954	0.757	0.634	1.02E-141
CTL	CLEC2B	0.28908	0.471	0.322	3.16E-130
CTL	ATP2B4	0.28662	0.279	0.096	0
CTL	HERPUD1	0.28616	0.435	0.273	1.11E-150
CTL	CDC42EP3	0.28557	0.28	0.1	0
CTL	ARL4C	0.28444	0.681	0.545	2.41E-119
CTL	SEC61B	0.28356	0.576	0.415	1.67E-139
CTL	IDH2	0.28204	0.356	0.179	3.55E-234
CTL	SEPTIN7	0.28199	0.667	0.554	4.99E-110
CTL	CCNH	0.27941	0.472	0.332	3.88E-113
CTL	SRP14	0.27915	0.899	0.843	5.11E-161
CTL	TBX21	0.27890	0.192	0.01	0
CTL	SUB1	0.27875	0.72	0.615	8.52E-105
CTL	LINC01871	0.27837	0.222	0.04	0
CTL	TBCB	0.27625	0.482	0.31	3.60E-166
CTL	SSR4	0.27376	0.768	0.67	4.77E-110
CTL	IER2	0.27289	0.758	0.615	7.15E-115
CTL	ARL6IP1	0.27182	0.528	0.386	4.81E-121
CTL	HSP90B1	0.27123	0.685	0.56	1.78E-109
CTL	TSC22D3	0.27076	0.96	0.945	3.05E-85
CTL	ADRB2	0.26691	0.182	0.011	0
CTL	UBL5	0.26543	0.71	0.592	6.26E-112
CTL	ENC1	0.26456	0.18	0.013	0
CTL	TUBA1B	0.26383	0.593	0.485	6.47E-78
CTL	CD6	0.26142	0.541	0.418	8.88E-94
CTL	THEMIS	0.26125	0.332	0.174	6.43E-189
CTL	GLIPR1	0.26049	0.399	0.23	4.75E-169
CTL	LRRFIP1	0.25932	0.593	0.466	4.44E-97
CTL	DSTN	0.25880	0.422	0.274	6.09E-130
CTL	PMAIP1	0.25801	0.253	0.114	1.65E-191
CTL	IL10RA	0.25787	0.502	0.329	6.88E-145
CTL	CCND3	0.25613	0.771	0.69	2.90E-95
CTL	ARF1	0.25561	0.694	0.577	2.53E-109
CTL	DIAPH1	0.25364	0.332	0.175	6.35E-185
CTL	ERN1	0.25260	0.277	0.112	1.87E-274
CTL	ARHGDIB	0.25227	0.987	0.976	5.32E-159
CTL	TAGLN2	0.25077	0.842	0.748	1.65E-84
CTL	PARP8	0.24948	0.375	0.224	7.11E-149
CTL	CHCHD2	0.24802	0.855	0.788	5.51E-113
CTL	BLOC1S1	0.24780	0.455	0.301	3.88E-131
CTL	PROK2	0.24762	0.155	0.002	0
CTL	YWHAB	0.24602	0.832	0.758	2.11E-102
CTL	ITGB7	0.24228	0.402	0.255	3.92E-130
CTL	CD3E	0.24174	0.989	0.982	3.59E-158
CTL	COX6A1	0.24169	0.771	0.684	1.63E-94

CTL	ARPC5	0.24143	0.528	0.403	4.45E-91
CTL	POMP	0.24124	0.432	0.275	8.59E-139
CTL	WIPF1	0.24066	0.532	0.402	4.57E-94
CTL	PDIA6	0.23996	0.36	0.21	1.03E-148
CTL	POLR2L	0.23995	0.574	0.453	4.03E-91
CTL	SELPLG	0.23993	0.56	0.428	3.98E-95
CTL	PTGDR	0.23987	0.162	0.008	0
CTL	RNF167	0.23966	0.429	0.283	2.76E-123
CTL	RAB5IF	0.23913	0.319	0.162	1.81E-192
CTL	SERTAD3	0.23830	0.18	0.029	0
CTL	SMAD7	0.23775	0.195	0.043	0
CTL	GPR65	0.23718	0.245	0.098	3.29E-248
CTL	CD300A	0.23713	0.195	0.04	0
CTL	C9orf16	0.23653	0.632	0.505	1.88E-94
CTL	CISD3	0.23643	0.238	0.089	1.35E-272
CTL	TENT5C	0.23571	0.399	0.248	2.73E-127
CTL	ITGAM	0.23516	0.156	0.004	0
CTL	NFATC2	0.23488	0.288	0.139	1.45E-191
CTL	RAB29	0.23487	0.291	0.142	5.42E-189
CTL	FBXW5	0.23470	0.345	0.194	4.53E-159
CTL	PATL2	0.23426	0.212	0.066	0
CTL	RAB1B	0.23424	0.363	0.219	9.07E-137
CTL	EMB	0.23361	0.457	0.325	1.27E-98
CTL	APOBEC3C	0.23351	0.231	0.078	0
CTL	ABHD17A	0.23318	0.229	0.082	1.54E-284
CTL	CCDC107	0.23281	0.351	0.203	1.64E-148
CTL	ARRB2	0.23244	0.452	0.321	6.97E-97
CTL	TMEM50A	0.23223	0.522	0.388	1.48E-98
CTL	KRTCAP2	0.23128	0.697	0.595	1.27E-85
CTL	MAP1LC3B	0.22892	0.464	0.333	5.37E-96
CTL	NDUFB2	0.22868	0.576	0.461	2.46E-82
CTL	WDR1	0.22852	0.469	0.35	5.83E-81
CTL	AGTRAP	0.22840	0.252	0.109	6.86E-218
CTL	SUN2	0.22629	0.476	0.356	6.07E-81
CTL	AKNA	0.22617	0.338	0.204	4.79E-122
CTL	PARK7	0.22471	0.574	0.458	6.05E-82
CTL	GLIPR2	0.22342	0.31	0.152	4.86E-196
CTL	SRSF7	0.22294	0.714	0.649	4.88E-49
CTL	RGS1	0.22272	0.293	0.169	5.41E-106
CTL	RNASEK	0.22259	0.757	0.675	4.36E-76
CTL	PSMA7	0.22239	0.615	0.51	2.86E-74
CTL	RASAL3	0.22234	0.339	0.203	4.51E-126
CTL	FKBP11	0.22211	0.331	0.19	1.27E-137
CTL	NDUFC2	0.22132	0.463	0.322	3.55E-106
CTL	EID1	0.22108	0.626	0.511	3.06E-78
CTL	CFLAR	0.21986	0.398	0.263	6.94E-104
CTL	MYADM	0.21971	0.383	0.272	5.04E-70
CTL	UQCR11	0.21897	0.795	0.729	8.01E-76
CTL	OSTF1	0.21869	0.425	0.29	6.19E-104
CTL	COPE	0.21849	0.506	0.377	5.57E-91
CTL	SCP2	0.21814	0.363	0.227	4.41E-117

CTL	AKAP13	0.21803	0.439	0.31	5.76E-89
CTL	ARL6IP5	0.21789	0.738	0.653	9.11E-71
CTL	FYN	0.21773	0.36	0.231	1.09E-104
CTL	TRAPPC1	0.21773	0.485	0.362	2.53E-84
CTL	MACF1	0.21756	0.359	0.23	3.80E-101
CTL	MYBL1	0.21735	0.176	0.037	0
CTL	SH2D2A	0.21708	0.244	0.105	1.67E-208
CTL	PSMB8	0.21680	0.526	0.426	2.02E-63
CTL	BRK1	0.21642	0.474	0.341	2.37E-96
CTL	GNAI2	0.21578	0.373	0.239	5.18E-110
CTL	TMBIM6	0.21520	0.686	0.606	3.16E-66
CTL	DOK2	0.21493	0.372	0.235	1.39E-111
CTL	ALOX5AP	0.21359	0.373	0.276	1.07E-59
CTL	EZR	0.21342	0.58	0.45	3.38E-80
CTL	ABI3	0.21208	0.166	0.027	0
CTL	F2R	0.21184	0.152	0.009	0
CTL	CES1	0.21139	0.132	0.004	0
CTL	CCL4L2	0.21129	0.125	0.001	0
CTL	SELENOT	0.21084	0.379	0.238	4.29E-120
CTL	PSAP	0.20866	0.514	0.406	5.59E-70
CTL	RHOF	0.20866	0.419	0.296	2.45E-85
CTL	TSEN54	0.20851	0.254	0.116	4.30E-191
CTL	STK10	0.20812	0.338	0.21	2.91E-108
CTL	COX8A	0.20788	0.631	0.546	3.27E-59
CTL	LINC00892	0.20751	0.182	0.052	0
CTL	DNAJB6	0.20727	0.358	0.229	8.47E-105
CTL	PPP2R2B	0.20659	0.157	0.021	0
CTL	TMEM59	0.20601	0.52	0.414	4.15E-67
CTL	ARHGDI1A	0.20569	0.583	0.479	1.28E-67
CTL	SDF2L1	0.20519	0.292	0.165	2.54E-124
CTL	IFI27L2	0.20423	0.296	0.157	6.86E-151
CTL	ZAP70	0.20393	0.48	0.37	9.51E-68
CTL	ATP6V0E1	0.20361	0.537	0.423	1.80E-72
CTL	CD5	0.20360	0.469	0.37	8.79E-56
CTL	PTPRCAP	0.20326	0.541	0.446	1.65E-55
CTL	SNRPB	0.20299	0.537	0.424	1.04E-72
CTL	NDUFB7	0.20281	0.441	0.318	2.49E-83
CTL	MFSD10	0.20204	0.306	0.178	5.08E-120
CTL	MBP	0.20167	0.497	0.385	3.72E-67
CTL	TMA7	0.20154	0.948	0.927	1.62E-89
CTL	MIEN1	0.20068	0.312	0.175	3.19E-136
CTL	PTPN4	0.20013	0.296	0.169	1.07E-121
CTL	TUBA1A	-0.20057	0.51	0.587	9.08E-39
CTL	UXT	-0.20092	0.596	0.704	3.39E-67
CTL	FAM102A	-0.20213	0.052	0.187	5.63E-126
CTL	AC243960.1	-0.20237	0.165	0.289	1.22E-80
CTL	RGCC	-0.20273	0.34	0.415	2.24E-27
CTL	TTC39C	-0.20305	0.221	0.339	2.06E-69
CTL	CD28	-0.20340	0.082	0.219	1.42E-114
CTL	TOMM20	-0.20484	0.528	0.635	5.17E-68
CTL	MLLT3	-0.20792	0.114	0.245	7.33E-99

CTL	TMEM243	-0.20810	0.208	0.342	5.83E-87
CTL	BEX2	-0.20902	0.047	0.187	4.55E-136
CTL	SEPTIN6	-0.21131	0.494	0.612	9.03E-69
CTL	FAU	-0.21151	1	1	4.25E-261
CTL	CYLD	-0.21174	0.217	0.346	8.66E-80
CTL	TRAT1	-0.21213	0.176	0.306	5.53E-86
CTL	SNHG5	-0.21387	0.446	0.578	1.07E-72
CTL	PCED1B	-0.21419	0.125	0.25	1.38E-89
CTL	AREG	-0.21432	0.076	0.193	1.20E-91
CTL	IL6R	-0.21874	0.028	0.172	9.34E-155
CTL	SOD1	-0.21926	0.588	0.706	4.10E-83
CTL	LINC00861	-0.21943	0.32	0.437	1.35E-64
CTL	SNHG7	-0.22110	0.142	0.281	2.54E-103
CTL	CRIP2	-0.22178	0.038	0.165	2.18E-122
CTL	CCNI	-0.22411	0.817	0.888	9.34E-87
CTL	EPHX2	-0.22606	0.023	0.172	8.49E-165
CTL	ZNF331	-0.22732	0.103	0.232	1.05E-98
CTL	MGAT4A	-0.22922	0.364	0.489	8.63E-75
CTL	HSPB1	-0.23221	0.321	0.461	4.67E-88
CTL	ARMH1	-0.23349	0.03	0.176	6.78E-157
CTL	TCEA3	-0.23455	0.015	0.164	2.25E-172
CTL	GPX4	-0.23526	0.487	0.628	1.12E-98
CTL	THOC3	-0.23655	0.106	0.258	1.67E-129
CTL	EIF4B	-0.24167	0.624	0.742	5.04E-96
CTL	AIF1	-0.24167	0.015	0.152	5.98E-155
CTL	TNFSF8	-0.24405	0.052	0.211	2.24E-160
CTL	BCL11B	-0.24470	0.261	0.41	7.24E-102
CTL	MAML2	-0.24864	0.094	0.247	2.12E-134
CTL	RNASET2	-0.24880	0.421	0.56	1.85E-96
CTL	NSA2	-0.25091	0.505	0.642	3.20E-95
CTL	SES3	-0.25102	0.057	0.208	2.14E-146
CTL	BCL2	-0.25266	0.163	0.313	5.93E-113
CTL	CDKN1B	-0.25485	0.33	0.471	2.39E-95
CTL	TXK	-0.25573	0.029	0.194	3.77E-184
CTL	BIRC3	-0.25669	0.1	0.26	1.56E-140
CTL	BEX3	-0.25965	0.026	0.195	1.37E-193
CTL	SERINC5	-0.26100	0.057	0.225	3.58E-172
CTL	PSIP1	-0.26201	0.304	0.466	1.02E-115
CTL	TESPA1	-0.26224	0.117	0.282	7.53E-145
CTL	C1orf162	-0.26295	0.188	0.359	4.92E-128
CTL	ALKBH7	-0.26352	0.275	0.441	5.65E-122
CTL	ACTN1	-0.26449	0.021	0.188	4.37E-195
CTL	DNAJB1	-0.26513	0.715	0.806	2.67E-89
CTL	SPINT2	-0.26746	0.025	0.207	1.32E-214
CTL	IL7R	-0.26876	0.797	0.913	2.83E-126
CTL	SLC40A1	-0.27588	0.018	0.176	1.46E-182
CTL	COX7C	-0.27783	0.935	0.975	9.32E-179
CTL	ARHGAP15	-0.28266	0.334	0.494	8.73E-119
CTL	PPP1R2	-0.28280	0.359	0.527	1.11E-127
CTL	AL138963.4	-0.28604	0.238	0.304	7.57E-24
CTL	USP10	-0.28630	0.121	0.271	1.14E-124

CTL	ADTRP	-0.28815	0.016	0.189	2.35E-206
CTL	NACA	-0.28909	0.999	1	0
CTL	EIF2S3	-0.29038	0.385	0.553	1.28E-133
CTL	SF1	-0.29431	0.644	0.77	5.32E-131
CTL	SNHG6	-0.29885	0.722	0.836	3.05E-143
CTL	GIMAP1	-0.29991	0.247	0.422	1.13E-142
CTL	NELL2	-0.30281	0.034	0.217	8.17E-208
CTL	RHOH	-0.30310	0.298	0.477	1.15E-142
CTL	PIM1	-0.30544	0.298	0.45	1.42E-112
CTL	ST13	-0.30760	0.437	0.602	1.10E-142
CTL	RSL1D1	-0.30830	0.379	0.557	2.10E-147
CTL	IL6ST	-0.30895	0.1	0.285	1.19E-181
CTL	LIMD2	-0.30978	0.624	0.779	2.35E-153
CTL	LDLRAP1	-0.31027	0.125	0.321	4.67E-190
CTL	SERP1	-0.31174	0.562	0.718	4.74E-154
CTL	NOP53	-0.31478	0.809	0.902	7.86E-175
CTL	FHIT	-0.32056	0.034	0.229	4.05E-229
CTL	SH3YL1	-0.32246	0.053	0.255	5.61E-228
CTL	FXYD5	-0.32307	0.949	0.98	2.14E-223
CTL	SATB1	-0.32334	0.089	0.287	1.44E-204
CTL	KLF2	-0.32613	0.599	0.739	3.31E-137
CTL	EIF3H	-0.32777	0.658	0.8	1.41E-177
CTL	NAP1L1	-0.32837	0.419	0.611	2.54E-170
CTL	MCUB	-0.32849	0.309	0.521	8.43E-190
CTL	MYC	-0.33432	0.044	0.234	8.96E-213
CTL	FYB1	-0.33541	0.733	0.844	2.05E-156
CTL	HINT1	-0.34182	0.874	0.95	3.14E-231
CTL	ANP32B	-0.34263	0.587	0.751	1.52E-189
CTL	EIF3L	-0.34605	0.578	0.743	1.04E-190
CTL	PASK	-0.34680	0.046	0.233	2.94E-209
CTL	SNHG32	-0.35268	0.188	0.406	2.29E-215
CTL	TRABD2A	-0.35279	0.052	0.277	1.69E-266
CTL	RGS10	-0.35718	0.361	0.565	2.80E-197
CTL	INPP4B	-0.36165	0.187	0.404	2.95E-212
CTL	OXNAD1	-0.36247	0.193	0.406	7.86E-208
CTL	CD55	-0.36299	0.113	0.329	2.19E-226
CTL	NDFIP1	-0.36381	0.381	0.574	1.95E-185
CTL	ABLIM1	-0.36907	0.182	0.393	3.55E-204
CTL	SOCS3	-0.37180	0.105	0.308	4.34E-205
CTL	ZFAS1	-0.37410	0.584	0.763	1.89E-216
CTL	DGKA	-0.37531	0.127	0.37	1.87E-266
CTL	RACK1	-0.39441	0.999	1	0
CTL	TSHZ2	-0.40340	0.03	0.27	0
CTL	SMDT1	-0.41081	0.431	0.644	7.50E-235
CTL	SLC2A3	-0.41696	0.42	0.6	8.94E-164
CTL	EEF1A1	-0.42890	1	1	0
CTL	FCMR	-0.43614	0.265	0.512	8.41E-269
CTL	EEF2	-0.44843	0.979	0.995	0
CTL	SNHG8	-0.44924	0.4	0.626	1.02E-263
CTL	PIM2	-0.45261	0.192	0.445	1.38E-284
CTL	GPR183	-0.45518	0.129	0.391	1.46E-302

CTL	TXNIP	-0.45560	0.921	0.96	3.34E-206
CTL	PLP2	-0.46059	0.295	0.541	5.58E-271
CTL	TPT1	-0.49155	1	1	0
CTL	PIK3IP1	-0.50860	0.307	0.585	0
CTL	CAMK4	-0.51328	0.169	0.483	0
CTL	FLT3LG	-0.51636	0.389	0.658	0
CTL	AQP3	-0.52207	0.115	0.417	0
CTL	EIF3E	-0.52462	0.575	0.8	0
CTL	FOXP1	-0.53290	0.319	0.605	0
CTL	TMEM123	-0.53303	0.353	0.652	0
CTL	FOS	-0.53453	0.859	0.897	8.47E-111
CTL	NPM1	-0.54339	0.928	0.983	0
CTL	EEF1G	-0.55850	0.983	0.997	0
CTL	LEPROTL1	-0.57013	0.441	0.721	0
CTL	SNHG29	-0.58685	0.79	0.936	0
CTL	CD27	-0.59578	0.09	0.476	0
CTL	RCAN3	-0.63985	0.091	0.484	0
CTL	EEF1B2	-0.65377	0.994	0.998	0
CTL	PRKCQ-AS1	-0.65395	0.143	0.493	0
CTL	CD7	-0.66770	0.261	0.606	0
CTL	CCR7	-0.66825	0.052	0.431	0
CTL	SARAF	-0.69836	0.929	0.986	0
CTL	JUNB	-0.77259	0.965	0.977	0
CTL	LEF1	-0.78041	0.102	0.551	0
CTL	PABPC1	-0.79390	0.922	0.992	0
CTL	GAS5	-0.81045	0.679	0.922	0
CTL	TCF7	-0.93002	0.133	0.629	0
CTL	LDHB	-0.97151	0.729	0.966	0
CTL	SELL	-0.98094	0.146	0.645	0
CTL	MAL	-0.98140	0.071	0.619	0
CTL	NOSIP	-1.03177	0.35	0.784	0
CTL	LTB	-1.57891	0.604	0.982	0
GZMK+	GZMK	2.02015	0.799	0.028	0
GZMK+	CCL5	1.79802	0.794	0.091	0
GZMK+	NFKBIA	1.12621	0.887	0.676	0
GZMK+	DUSP2	1.06900	0.738	0.379	0
GZMK+	ZFP36	0.98334	0.916	0.731	0
GZMK+	GZMA	0.94185	0.558	0.078	0
GZMK+	JUN	0.93531	0.948	0.841	0
GZMK+	TNFAIP3	0.76001	0.904	0.761	0
GZMK+	LYAR	0.71350	0.523	0.121	0
GZMK+	DUSP1	0.69182	0.957	0.849	0
GZMK+	FOS	0.68785	0.964	0.891	0
GZMK+	CST7	0.66586	0.497	0.108	0
GZMK+	CXCR4	0.64361	0.95	0.844	0
GZMK+	KLF6	0.62963	0.906	0.73	0
GZMK+	IER2	0.60099	0.787	0.612	0
GZMK+	CD74	0.58801	0.814	0.654	0
GZMK+	GADD45B	0.56282	0.633	0.44	8.98E-288
GZMK+	ZFP36L2	0.52234	0.979	0.942	0
GZMK+	S100A4	0.51596	0.952	0.836	0

GZMK+	CD69	0.51112	0.844	0.713	2.08E-278
GZMK+	IL32	0.50281	0.989	0.932	0
GZMK+	AHNAK	0.49064	0.719	0.479	0
GZMK+	BHLHE40	0.46053	0.336	0.105	0
GZMK+	ANXA1	0.44696	0.78	0.573	0
GZMK+	CD99	0.43470	0.816	0.599	0
GZMK+	S100A10	0.42250	0.906	0.786	0
GZMK+	SH3BGRL3	0.41494	0.992	0.947	0
GZMK+	SRGN	0.41408	0.823	0.656	6.69E-290
GZMK+	RGCC	0.39715	0.553	0.404	2.79E-159
GZMK+	NR4A2	0.39683	0.557	0.376	1.17E-223
GZMK+	JUNB	0.38668	0.992	0.975	3.93E-213
GZMK+	ID2	0.37843	0.395	0.23	4.90E-213
GZMK+	HLA-B	0.37320	1	1	0
GZMK+	HCST	0.37054	0.83	0.705	3.94E-241
GZMK+	HLA-A	0.37001	1	0.999	0
GZMK+	PPP1R15A	0.36944	0.868	0.731	2.53E-213
GZMK+	SYNE2	0.36313	0.573	0.387	2.17E-234
GZMK+	KLRB1	0.36106	0.325	0.183	3.07E-163
GZMK+	B2M	0.35918	1	1	0
GZMK+	H3F3B	0.33965	0.992	0.977	7.24E-253
GZMK+	UBC	0.33506	0.992	0.975	0
GZMK+	HLA-C	0.33384	1	0.999	0
GZMK+	TSC22D3	0.33243	0.972	0.944	3.01E-179
GZMK+	S100A11	0.33169	0.518	0.331	2.04E-216
GZMK+	COTL1	0.32271	0.719	0.566	4.36E-181
GZMK+	CTSW	0.31740	0.426	0.233	1.74E-268
GZMK+	CDKN1A	0.31199	0.209	0.063	0
GZMK+	ARL4C	0.30979	0.679	0.544	1.91E-153
GZMK+	CXCR3	0.30759	0.25	0.058	0
GZMK+	TMSB4X	0.30466	1	1	0
GZMK+	PFN1	0.30429	0.998	0.991	0
GZMK+	DNAJB1	0.29982	0.864	0.798	4.03E-143
GZMK+	MYADM	0.29695	0.417	0.269	3.15E-156
GZMK+	IL7R	0.29647	0.933	0.906	2.59E-134
GZMK+	ITGA4	0.29618	0.486	0.322	2.23E-170
GZMK+	IL10RA	0.29607	0.514	0.327	2.20E-214
GZMK+	HOPX	0.29367	0.225	0.062	0
GZMK+	BTG1	0.28253	0.99	0.981	2.57E-161
GZMK+	TAGLN2	0.27946	0.844	0.747	1.21E-128
GZMK+	RGS1	0.27549	0.309	0.167	1.33E-174
GZMK+	LMNA	0.27389	0.314	0.146	6.35E-260
GZMK+	CLIC1	0.27333	0.652	0.507	8.93E-142
GZMK+	CALM1	0.27070	0.984	0.956	5.73E-212
GZMK+	TNF	0.26761	0.17	0.059	4.02E-253
GZMK+	CSRNP1	0.26473	0.467	0.315	2.17E-146
GZMK+	MCL1	0.26302	0.527	0.402	2.87E-109
GZMK+	PMAIP1	0.26097	0.245	0.113	1.72E-208
GZMK+	FTH1	0.26087	1	0.999	2.53E-197
GZMK+	GZMM	0.26083	0.498	0.339	1.47E-161
GZMK+	TENT5C	0.26037	0.41	0.246	3.29E-183

GZMK+	TUBB4B	0.25920	0.4	0.26	1.55E-137
GZMK+	ITGB1	0.24307	0.518	0.371	7.80E-112
GZMK+	MYL6	0.24127	0.911	0.847	7.10E-141
GZMK+	SRSF7	0.24078	0.734	0.647	1.00E-89
GZMK+	EMP3	0.23946	0.859	0.767	4.74E-127
GZMK+	GAPDH	0.23912	0.975	0.947	4.58E-153
GZMK+	S100A6	0.23551	0.943	0.897	1.12E-135
GZMK+	ANXA2	0.23492	0.393	0.222	1.96E-194
GZMK+	CD52	0.23459	0.996	0.99	5.03E-161
GZMK+	EZR	0.23050	0.587	0.448	5.35E-112
GZMK+	BTG2	0.22903	0.587	0.499	1.18E-64
GZMK+	KLF10	0.22732	0.226	0.09	7.76E-262
GZMK+	PPIB	0.22431	0.778	0.686	2.29E-102
GZMK+	IRF1	0.22336	0.498	0.41	1.82E-49
GZMK+	GBP5	0.22117	0.319	0.182	8.27E-155
GZMK+	CRIP1	0.21887	0.91	0.837	8.63E-105
GZMK+	STOM	0.21686	0.238	0.088	0
GZMK+	GUK1	0.21588	0.629	0.511	7.11E-101
GZMK+	KLRG1	0.21404	0.226	0.095	3.90E-233
GZMK+	YWHAQ	0.21318	0.479	0.352	4.08E-101
GZMK+	PARP8	0.21069	0.349	0.224	2.57E-120
GZMK+	IL2RG	0.20873	0.838	0.763	1.91E-85
GZMK+	IFNG-AS1	0.20623	0.144	0.013	0
GZMK+	HSPA5	0.20417	0.73	0.64	9.02E-66
GZMK+	EMB	0.20263	0.444	0.324	2.36E-92
GZMK+	PIM2	-0.20052	0.327	0.44	7.96E-69
GZMK+	ACTN1	-0.20226	0.059	0.187	2.56E-137
GZMK+	EIF3H	-0.20472	0.716	0.798	3.97E-86
GZMK+	SARAF	-0.20497	0.973	0.984	1.17E-109
GZMK+	EIF3L	-0.20909	0.653	0.74	1.08E-82
GZMK+	RACK1	-0.20947	1	1	1.46E-230
GZMK+	AIF1	-0.21167	0.032	0.153	6.90E-143
GZMK+	TRABD2A	-0.21493	0.139	0.274	1.42E-117
GZMK+	ST13	-0.21557	0.489	0.601	3.19E-84
GZMK+	PIK3IP1	-0.21701	0.467	0.579	1.90E-78
GZMK+	USP10	-0.21781	0.163	0.27	2.32E-79
GZMK+	EIF2S3	-0.21968	0.435	0.552	4.35E-88
GZMK+	CD55	-0.22209	0.197	0.327	1.08E-99
GZMK+	OXNAD1	-0.22406	0.275	0.404	3.12E-93
GZMK+	ABLIM1	-0.22453	0.269	0.39	5.38E-86
GZMK+	PABPC1	-0.22665	0.985	0.989	1.41E-147
GZMK+	TPT1	-0.22680	1	1	2.68E-268
GZMK+	LDHB	-0.23098	0.925	0.958	1.00E-131
GZMK+	ADTRP	-0.24739	0.042	0.19	2.06E-180
GZMK+	IL6ST	-0.25605	0.132	0.285	1.93E-149
GZMK+	NACA	-0.26313	1	1	0
GZMK+	FHIT	-0.26431	0.067	0.23	6.22E-191
GZMK+	NPM1	-0.26442	0.963	0.982	2.40E-192
GZMK+	EIF3E	-0.27097	0.693	0.796	4.12E-139
GZMK+	TCF7	-0.27661	0.492	0.614	1.83E-109
GZMK+	EEF1G	-0.28593	0.992	0.996	1.51E-284

GZMK+	EEF1B2	-0.28794	0.997	0.998	5.18E-276
GZMK+	C1orf162	-0.30232	0.169	0.361	9.61E-197
GZMK+	SNHG29	-0.30392	0.878	0.932	1.48E-189
GZMK+	NDFIP1	-0.32477	0.405	0.575	4.44E-176
GZMK+	GAS5	-0.33507	0.849	0.914	1.82E-216
GZMK+	TSHZ2	-0.33668	0.068	0.271	9.27E-263
GZMK+	MAL	-0.34114	0.406	0.606	1.14E-201
GZMK+	NOSIP	-0.34325	0.652	0.771	1.18E-161
GZMK+	NKG7	-0.36708	0.181	0.063	3.26E-240
GZMK+	CD7	-0.36751	0.422	0.601	1.05E-181
GZMK+	CCR7	-0.38849	0.214	0.425	2.28E-241
GZMK+	LEF1	-0.40446	0.332	0.543	1.09E-252
GZMK+	PRKCQ-AS1	-0.42132	0.269	0.489	3.48E-263
GZMK+	SELL	-0.42562	0.387	0.636	2.43E-290
TCM	ZFP36	0.81309	0.849	0.696	0
TCM	FOS	0.64563	0.943	0.875	0
TCM	KLRB1	0.62788	0.34	0.129	0
TCM	CRIP1	0.62762	0.937	0.801	0
TCM	ANXA1	0.62225	0.768	0.508	0
TCM	RGCC	0.53697	0.545	0.357	0
TCM	TNFAIP3	0.53517	0.858	0.732	0
TCM	FTH1	0.51594	0.999	0.998	0
TCM	KLF6	0.51294	0.869	0.686	0
TCM	VIM	0.50188	0.99	0.969	0
TCM	S100A4	0.48555	0.952	0.797	0
TCM	NFKBIA	0.48446	0.782	0.648	0
TCM	JUNB	0.46529	0.986	0.972	0
TCM	ITGB1	0.45954	0.583	0.294	0
TCM	PPP1R15A	0.44545	0.843	0.695	0
TCM	DUSP1	0.42084	0.923	0.827	0
TCM	AHNAK	0.41182	0.669	0.418	0
TCM	DDIT4	0.40906	0.571	0.406	0
TCM	ZFP36L2	0.39210	0.959	0.937	0
TCM	LTB	0.37962	0.988	0.956	0
TCM	TAGLN2	0.36954	0.851	0.712	0
TCM	NR4A2	0.35890	0.497	0.339	0
TCM	SRGN	0.35777	0.782	0.617	0
TCM	CD69	0.35605	0.818	0.679	0
TCM	LMNA	0.34860	0.28	0.103	0
TCM	PLP2	0.34789	0.664	0.474	0
TCM	SLC2A3	0.34543	0.687	0.553	0
TCM	S100A11	0.33929	0.497	0.276	0
TCM	AQP3	0.33743	0.523	0.355	0
TCM	CSRNP1	0.31605	0.446	0.272	0
TCM	TRADD	0.30422	0.481	0.287	0
TCM	S100A10	0.30422	0.884	0.755	0
TCM	COTL1	0.30074	0.703	0.521	0
TCM	EMP3	0.28738	0.865	0.733	0
TCM	GSTK1	0.28041	0.869	0.762	0
TCM	GATA3	0.28007	0.369	0.222	0
TCM	TIMP1	0.27205	0.419	0.254	0

TCM	HSPA5	0.27166	0.72	0.614	0
TCM	IL7R	0.27094	0.939	0.895	0
TCM	EZR	0.26685	0.573	0.406	0
TCM	ARHGAP15	0.26373	0.588	0.446	0
TCM	MYADM	0.25645	0.376	0.235	0
TCM	ARL4C	0.24767	0.647	0.512	0
TCM	SH3BGRL3	0.24632	0.984	0.935	0
TCM	TTC39C-AS1	0.24315	0.168	0.035	0
TCM	CXCR4	0.23777	0.892	0.832	0
TCM	PTGER4	0.23287	0.533	0.405	0
TCM	FXD5	0.23234	0.989	0.975	0
TCM	CD82	0.22929	0.327	0.171	0
TCM	PDE4D	0.22323	0.251	0.132	0
TCM	SEC61B	0.22267	0.52	0.381	0
TCM	CITED2	0.21972	0.427	0.34	2.36E-207
TCM	TNFRSF4	0.21971	0.191	0.056	0
TCM	TSC22D3	0.21695	0.956	0.941	1.46E-258
TCM	NPDC1	0.21599	0.205	0.072	0
TCM	MCL1	0.21595	0.497	0.372	0
TCM	ITM2A	0.21574	0.423	0.305	0
TCM	YPEL5	0.21450	0.591	0.494	5.31E-282
TCM	CCR6	0.21219	0.177	0.055	0
TCM	RILPL2	0.21057	0.282	0.15	0
TCM	LIMS1	0.20991	0.324	0.2	0
TCM	S100A6	0.20913	0.941	0.882	0
TCM	PTGER2	0.20830	0.325	0.198	0
TCM	NR3C1	0.20523	0.399	0.285	0
TCM	ARPC1B	0.20343	0.754	0.63	0
TCM	LDHA	0.20340	0.635	0.522	0
TCM	CRIP2	0.20260	0.239	0.126	0
TCM	ANXA2	0.20072	0.341	0.186	0
TCM	TUBB4B	0.20020	0.351	0.232	0
TCM	RGS10	-0.20109	0.491	0.583	2.11E-291
TCM	PIK3IP1	-0.20586	0.511	0.599	1.73E-270
TCM	LEF1	-0.24397	0.457	0.563	0
TCM	TXNIP	-0.24559	0.938	0.967	0
TCM	CD7	-0.25790	0.519	0.621	0
TCM	CST7	-0.28469	0.104	0.139	4.86E-77
TCM	CCR7	-0.29764	0.313	0.456	0
TCM	GZMA	-0.37399	0.05	0.125	0
TCM	AL138963.4	-0.48541	0.266	0.316	1.31E-139
TCM	CCL5	-0.99313	0.07	0.152	0
TEM	LGALS1	1.73907	0.815	0.257	0
TEM	S100A4	1.58492	0.994	0.837	0
TEM	CRIP1	1.34477	0.987	0.835	0
TEM	CD74	1.22043	0.877	0.655	0
TEM	S100A10	1.18573	0.986	0.786	0
TEM	SH3BGRL3	1.04682	0.999	0.947	0
TEM	S100A6	1.01828	0.983	0.896	0
TEM	IL32	1.01455	0.996	0.932	0
TEM	COTL1	1.00113	0.904	0.563	0

TEM	ACTB	0.92262	1	0.999	0
TEM	S100A11	0.91729	0.796	0.324	0
TEM	ANXA2	0.90104	0.705	0.214	0
TEM	CD52	0.88001	0.999	0.989	0
TEM	HLA-DRB1	0.87542	0.473	0.087	0
TEM	ANXA1	0.83301	0.875	0.574	0
TEM	PFN1	0.82793	1	0.991	0
TEM	GAPDH	0.82714	0.995	0.947	0
TEM	ITGB1	0.82604	0.783	0.364	0
TEM	CLIC1	0.82200	0.87	0.502	0
TEM	EMP3	0.81398	0.967	0.765	0
TEM	AHNAK	0.77402	0.806	0.48	0
TEM	VIM	0.76656	0.994	0.975	0
TEM	TAGLN2	0.75003	0.934	0.746	0
TEM	MYL6	0.73474	0.968	0.846	0
TEM	HLA-DPA1	0.71120	0.494	0.143	0
TEM	ACTG1	0.70987	0.989	0.979	0
TEM	CD99	0.70177	0.893	0.6	0
TEM	ARPC1B	0.69970	0.897	0.658	0
TEM	TXN	0.67420	0.648	0.282	0
TEM	GSTK1	0.64171	0.941	0.788	0
TEM	ANXA5	0.63895	0.634	0.253	0
TEM	LGALS3	0.63095	0.388	0.08	0
TEM	ALOX5AP	0.62910	0.613	0.268	0
TEM	HLA-DPB1	0.62450	0.471	0.153	0
TEM	HLA-DRA	0.62382	0.288	0.026	0
TEM	TMSB10	0.60704	1	1	0
TEM	FLNA	0.60324	0.666	0.346	0
TEM	TIMP1	0.58358	0.603	0.291	0
TEM	CFL1	0.58107	0.995	0.968	0
TEM	PLP2	0.58059	0.773	0.521	0
TEM	LMNA	0.57150	0.453	0.144	0
TEM	IFITM2	0.55357	0.858	0.67	0
TEM	DUSP4	0.54806	0.335	0.063	0
TEM	PPP1CA	0.54267	0.748	0.456	0
TEM	ARPC2	0.53772	0.877	0.682	0
TEM	CAPZB	0.53228	0.817	0.604	0
TEM	B2M	0.53131	1	1	0
TEM	HLA-DRB5	0.51827	0.297	0.04	0
TEM	YWHAQ	0.50864	0.648	0.348	0
TEM	GLIPR1	0.50233	0.517	0.228	0
TEM	IL2RG	0.50230	0.906	0.762	0
TEM	HLA-A	0.50055	1	0.999	0
TEM	TMSB4X	0.49693	1	1	0
TEM	ARPC3	0.49549	0.905	0.748	0
TEM	LSP1	0.48941	0.878	0.716	3.32E-293
TEM	ANXA6	0.48623	0.736	0.47	0
TEM	CAPG	0.48193	0.388	0.086	0
TEM	CALM1	0.47778	0.991	0.956	0
TEM	YWHAB	0.47165	0.905	0.756	0
TEM	LCP1	0.46747	0.75	0.53	4.25E-261

TEM	LIME1	0.46710	0.859	0.691	1.06E-255
TEM	DUSP2	0.45771	0.568	0.392	8.39E-132
TEM	GATA3	0.45640	0.505	0.257	3.44E-294
TEM	CD82	0.45487	0.511	0.206	0
TEM	CYBA	0.45425	0.843	0.646	3.39E-275
TEM	LY6E	0.45233	0.776	0.582	4.35E-226
TEM	SEC61B	0.44893	0.683	0.413	0
TEM	GZMA	0.44837	0.287	0.096	0
TEM	PPIB	0.44640	0.865	0.684	5.01E-276
TEM	CNN2	0.44570	0.811	0.666	1.32E-184
TEM	TPM3	0.44435	0.909	0.757	6.00E-296
TEM	MYO1G	0.44231	0.53	0.25	0
TEM	CORO1A	0.44022	0.949	0.896	6.79E-207
TEM	SRGN	0.43974	0.846	0.659	3.15E-214
TEM	CYTOR	0.43822	0.347	0.094	0
TEM	LRRFIP1	0.43437	0.705	0.464	1.06E-266
TEM	TSPO	0.43342	0.743	0.515	2.74E-275
TEM	PSME2	0.43310	0.723	0.504	2.24E-235
TEM	PSME1	0.43014	0.926	0.809	9.73E-272
TEM	PRDX1	0.42067	0.564	0.313	1.04E-293
TEM	C12orf75	0.42063	0.398	0.132	0
TEM	ITM2A	0.41640	0.531	0.333	4.48E-182
TEM	LDHA	0.41139	0.76	0.548	2.33E-234
TEM	NPDC1	0.40814	0.35	0.102	0
TEM	SLC9A3R1	0.40715	0.567	0.332	1.80E-253
TEM	UCP2	0.40115	0.705	0.567	5.50E-112
TEM	TPI1	0.39972	0.717	0.5	1.50E-231
TEM	ZYX	0.39932	0.596	0.38	2.00E-214
TEM	ITGB2	0.39903	0.74	0.548	3.76E-205
TEM	KLF6	0.39619	0.885	0.735	7.81E-186
TEM	HLA-B	0.39572	1	1	0
TEM	NME2	0.39539	0.813	0.643	1.61E-191
TEM	LTB	0.39371	0.968	0.965	3.55E-105
TEM	EZR	0.39362	0.685	0.447	4.09E-229
TEM	ACTN4	0.39235	0.383	0.132	0
TEM	HLA-C	0.39128	1	0.999	0
TEM	MYL12A	0.38950	0.985	0.95	2.91E-283
TEM	H3F3A	0.38013	0.921	0.826	1.23E-172
TEM	COX5A	0.37672	0.612	0.379	6.33E-241
TEM	CAPN2	0.37633	0.535	0.285	3.72E-279
TEM	ATP5F1E	0.37595	0.99	0.964	3.21E-275
TEM	HOPX	0.37525	0.234	0.064	0
TEM	COX6A1	0.37366	0.859	0.682	2.08E-233
TEM	PSMB9	0.37274	0.687	0.491	1.97E-187
TEM	CRIP2	0.37083	0.34	0.153	3.56E-234
TEM	MYH9	0.36988	0.705	0.529	9.42E-151
TEM	SUB1	0.36660	0.777	0.614	2.16E-166
TEM	HMGB1	0.36658	0.898	0.82	2.47E-151
TEM	JPT1	0.36651	0.38	0.141	0
TEM	TGFB1	0.36543	0.481	0.247	5.42E-264
TEM	C4orf48	0.36535	0.422	0.182	0

TEM	AQP3	0.36436	0.563	0.398	8.96E-121
TEM	LAT	0.36419	0.687	0.513	2.73E-156
TEM	GLIPR2	0.36229	0.39	0.151	0
TEM	CD2	0.36224	0.699	0.508	3.80E-171
TEM	CAP1	0.35970	0.672	0.469	2.67E-189
TEM	TRADD	0.35653	0.57	0.336	1.07E-223
TEM	DDIT4	0.35501	0.636	0.448	1.74E-139
TEM	DSTN	0.35340	0.493	0.273	5.00E-228
TEM	MSN	0.35330	0.609	0.397	8.10E-191
TEM	EMB	0.35224	0.54	0.323	2.01E-207
TEM	CORO1B	0.34911	0.566	0.393	1.41E-132
TEM	MYL12B	0.34753	0.877	0.739	1.08E-192
TEM	YWHAZ	0.34467	0.909	0.803	1.80E-180
TEM	DOK2	0.34213	0.455	0.234	2.12E-240
TEM	ZFP36	0.33957	0.887	0.736	4.81E-172
TEM	RHOA	0.33897	0.89	0.777	2.26E-188
TEM	OPTN	0.33789	0.511	0.298	1.06E-200
TEM	DBI	0.33774	0.568	0.345	4.51E-211
TEM	PSMA7	0.33623	0.71	0.508	2.08E-189
TEM	C9orf16	0.33477	0.701	0.504	6.66E-174
TEM	CXCR3	0.33472	0.251	0.062	0
TEM	CALM2	0.33302	0.69	0.485	1.42E-184
TEM	ATP5F1B	0.33214	0.659	0.47	1.65E-165
TEM	PPP1R18	0.33203	0.486	0.261	7.40E-229
TEM	HLA-DQB1	0.33026	0.243	0.052	0
TEM	CAST	0.32916	0.585	0.372	1.35E-178
TEM	RABAC1	0.32879	0.615	0.413	5.47E-173
TEM	RAC2	0.32834	0.93	0.858	2.43E-149
TEM	WDR86-AS1	0.32820	0.271	0.06	0
TEM	TPM4	0.32772	0.336	0.134	1.41E-291
TEM	GUK1	0.32730	0.694	0.511	8.84E-163
TEM	MYO1F	0.32730	0.317	0.099	0
TEM	CKLF	0.32684	0.469	0.261	6.68E-204
TEM	ARHGDIB	0.32475	0.988	0.976	6.81E-161
TEM	PPDPF	0.32427	0.961	0.916	8.38E-169
TEM	PGAM1	0.32317	0.54	0.328	4.02E-193
TEM	NDUFB9	0.32300	0.72	0.564	5.22E-141
TEM	DYNLL1	0.32244	0.448	0.252	6.79E-186
TEM	WDR1	0.32225	0.538	0.349	6.86E-157
TEM	TBCB	0.32000	0.525	0.31	1.09E-201
TEM	TMEM50A	0.31939	0.595	0.387	2.61E-183
TEM	TNFAIP3	0.31857	0.882	0.765	8.02E-123
TEM	PPP2R5C	0.31818	0.5	0.322	6.84E-142
TEM	PKM	0.31748	0.738	0.585	2.01E-132
TEM	PFKL	0.31653	0.379	0.18	1.41E-231
TEM	CCDC167	0.31509	0.373	0.161	1.97E-276
TEM	SEC61G	0.31415	0.638	0.446	3.90E-164
TEM	CSTB	0.31396	0.625	0.439	1.07E-153
TEM	SERF2	0.31391	0.984	0.957	1.29E-178
TEM	SSR4	0.31365	0.818	0.669	1.38E-148
TEM	ELOB	0.31319	0.789	0.634	1.07E-153

TEM	ARHGDI A	0.30800	0.666	0.477	3.52E-153
TEM	COPE	0.30621	0.571	0.376	5.89E-165
TEM	TUBA4A	0.30572	0.513	0.325	2.64E-150
TEM	EID1	0.30571	0.696	0.51	3.88E-150
TEM	NDUFA13	0.30557	0.767	0.6	4.26E-155
TEM	ITGB7	0.30522	0.448	0.255	2.48E-176
TEM	ARPC4	0.30513	0.611	0.445	3.03E-130
TEM	SLC25A5	0.30495	0.684	0.548	8.55E-94
TEM	FXYD5	0.30424	0.99	0.978	2.06E-179
TEM	TENT5C	0.30395	0.443	0.248	5.33E-175
TEM	NIBAN1	0.30362	0.273	0.075	0
TEM	RHOG	0.30206	0.577	0.39	9.16E-147
TEM	OAZ1	0.30150	0.91	0.817	5.08E-143
TEM	REEP5	0.30053	0.416	0.208	1.86E-221
TEM	TNFRSF4	0.29871	0.264	0.09	3.24E-295
TEM	SAT1	0.29853	0.558	0.415	1.98E-88
TEM	KRTCAP2	0.29807	0.76	0.593	1.79E-141
TEM	P4HB	0.29740	0.538	0.347	1.60E-154
TEM	UBE2L6	0.29545	0.469	0.283	1.87E-156
TEM	ATP5MF	0.29530	0.596	0.416	6.84E-139
TEM	PPIA	0.29460	0.983	0.962	1.10E-145
TEM	PSMB3	0.29445	0.543	0.344	5.25E-165
TEM	RNASEK	0.29345	0.82	0.674	1.16E-135
TEM	ARF5	0.29329	0.583	0.394	2.46E-153
TEM	ALDOA	0.29205	0.709	0.542	3.18E-129
TEM	FTH1	0.28975	0.999	0.999	6.63E-168
TEM	ICAM3	0.28964	0.711	0.554	1.17E-126
TEM	MGST3	0.28961	0.472	0.285	5.77E-159
TEM	SIT1	0.28754	0.371	0.185	1.45E-194
TEM	GNG5	0.28754	0.557	0.359	1.44E-156
TEM	PGK1	0.28639	0.678	0.512	5.86E-129
TEM	IL10RA	0.28622	0.526	0.33	3.26E-150
TEM	CHCHD2	0.28580	0.894	0.787	5.87E-140
TEM	GNB2	0.28526	0.533	0.338	1.59E-153
TEM	BRK1	0.28452	0.527	0.34	4.70E-148
TEM	TRAPPC1	0.28319	0.537	0.362	9.29E-131
TEM	CD5	0.28286	0.511	0.37	5.99E-93
TEM	PDIA6	0.28084	0.405	0.21	4.64E-195
TEM	NDUFB2	0.27946	0.641	0.46	1.08E-136
TEM	GMFG	0.27831	0.851	0.767	3.63E-93
TEM	SEC11C	0.27695	0.42	0.225	1.37E-188
TEM	CDC25B	0.27685	0.519	0.36	6.88E-111
TEM	BHLHE40	0.27591	0.285	0.111	2.24E-234
TEM	UBC	0.27374	0.993	0.975	2.23E-147
TEM	ARPC5	0.27315	0.554	0.403	2.16E-100
TEM	TTC39C-AS1	0.27286	0.223	0.069	1.78E-287
TEM	PSMB6	0.27240	0.487	0.299	7.01E-155
TEM	IFITM1	0.27231	0.968	0.984	3.86E-89
TEM	CTSH	0.27209	0.242	0.07	0
TEM	ISG15	0.27170	0.328	0.175	6.23E-137
TEM	STAT1	0.27139	0.38	0.234	1.53E-103

TEM	ATP6V0B	0.27135	0.427	0.236	8.20E-174
TEM	EIF4A1	0.27059	0.769	0.639	2.78E-96
TEM	ARF1	0.26955	0.722	0.577	2.15E-109
TEM	SELPLG	0.26943	0.587	0.428	5.68E-104
TEM	RGS19	0.26913	0.404	0.22	4.99E-168
TEM	MIF	0.26884	0.931	0.883	9.58E-118
TEM	CCDC107	0.26850	0.383	0.203	9.32E-172
TEM	TAP1	0.26727	0.378	0.219	1.44E-132
TEM	SPOCK2	0.26710	0.689	0.558	9.08E-86
TEM	ACTR3	0.26562	0.607	0.468	7.44E-89
TEM	PSMD8	0.26556	0.484	0.31	2.94E-133
TEM	TALDO1	0.26545	0.455	0.279	2.63E-141
TEM	VAMP8	0.26486	0.623	0.448	2.40E-122
TEM	YBX1	0.26381	0.878	0.783	1.52E-99
TEM	SYTL1	0.26366	0.481	0.315	1.28E-120
TEM	PSMB10	0.26327	0.55	0.393	2.06E-104
TEM	ATP5MD	0.26193	0.665	0.502	2.25E-111
TEM	HERPUD1	0.26082	0.436	0.274	1.31E-116
TEM	LINC00892	0.25928	0.214	0.052	0
TEM	PSMB8	0.25855	0.578	0.425	2.04E-98
TEM	UBL5	0.25733	0.729	0.593	2.21E-97
TEM	IFITM3	0.25732	0.395	0.268	1.45E-77
TEM	VSIR	0.25688	0.535	0.372	2.42E-110
TEM	ARL4C	0.25580	0.697	0.546	6.56E-89
TEM	LCK	0.25575	0.774	0.661	4.58E-85
TEM	ATP5MC3	0.25266	0.627	0.478	8.10E-98
TEM	ITGA4	0.25266	0.4	0.328	3.80E-30
TEM	UBB	0.25261	0.833	0.731	2.34E-87
TEM	COX7A2	0.25252	0.775	0.642	2.69E-101
TEM	ATP5PB	0.25246	0.56	0.407	3.80E-98
TEM	RILPL2	0.25134	0.343	0.183	5.86E-145
TEM	ENO1	0.25132	0.685	0.543	3.24E-94
TEM	CTSC	0.25130	0.369	0.196	4.84E-157
TEM	NDUFB10	0.24903	0.552	0.377	7.49E-120
TEM	CD69	0.24883	0.831	0.716	4.22E-79
TEM	ID2	0.24861	0.373	0.234	2.00E-89
TEM	LMO4	0.24853	0.181	0.042	0
TEM	CTSB	0.24832	0.352	0.19	5.26E-145
TEM	SH3BP5	0.24669	0.438	0.283	3.82E-107
TEM	ERN1	0.24606	0.273	0.113	1.89E-203
TEM	NDUFA6	0.24556	0.493	0.317	5.13E-127
TEM	PDIA3	0.24484	0.658	0.516	2.01E-90
TEM	TWF2	0.24449	0.405	0.241	6.37E-130
TEM	CCR6	0.24429	0.227	0.086	3.24E-198
TEM	H2AFV	0.24293	0.444	0.294	2.12E-99
TEM	CD63	0.24275	0.326	0.161	5.07E-166
TEM	PRELID1	0.24265	0.501	0.342	6.93E-108
TEM	COX7B	0.24213	0.57	0.413	1.37E-99
TEM	NDUFA1	0.24197	0.704	0.566	1.63E-93
TEM	CALR	0.24197	0.688	0.551	2.62E-78
TEM	ATP5F1C	0.24037	0.511	0.351	2.20E-103

TEM	UQCR11	0.24019	0.847	0.728	2.01E-93
TEM	CD3D	0.23962	0.898	0.834	1.98E-78
TEM	FUT7	0.23771	0.168	0.027	0
TEM	FBXW5	0.23717	0.363	0.194	1.14E-151
TEM	PDCD5	0.23717	0.428	0.27	1.27E-114
TEM	PSMA6	0.23548	0.457	0.294	1.41E-113
TEM	PLSCR3	0.23489	0.586	0.433	3.72E-91
TEM	BSG	0.23471	0.496	0.331	3.58E-112
TEM	PSMB1	0.23455	0.626	0.478	8.55E-94
TEM	SLF1	0.23446	0.206	0.064	1.12E-264
TEM	COX6C	0.23371	0.85	0.76	4.24E-82
TEM	PBXIP1	0.23281	0.56	0.425	1.28E-75
TEM	HIGD2A	0.23265	0.762	0.631	9.76E-82
TEM	C17orf49	0.23205	0.425	0.275	2.78E-97
TEM	GBP5	0.23174	0.297	0.185	4.10E-72
TEM	POMP	0.23154	0.434	0.277	1.35E-108
TEM	MIR4435-2HG	0.23107	0.18	0.044	0
TEM	ELOVL5	0.22977	0.37	0.216	1.20E-119
TEM	NR3C1	0.22961	0.468	0.313	1.03E-95
TEM	SUMO2	0.22917	0.837	0.737	2.21E-82
TEM	ARHGAP15	0.22908	0.626	0.482	3.40E-80
TEM	SYNE2	0.22829	0.538	0.392	2.51E-79
TEM	COX6B1	0.22820	0.833	0.728	5.89E-80
TEM	BIN2	0.22724	0.639	0.503	3.49E-77
TEM	SEPTIN11	0.22712	0.184	0.041	0
TEM	ABRACL	0.22698	0.524	0.371	6.68E-92
TEM	CTSA	0.22652	0.289	0.16	6.74E-102
TEM	COX8A	0.22579	0.675	0.546	4.99E-73
TEM	COPS9	0.22560	0.508	0.354	8.36E-96
TEM	NDUFA12	0.22524	0.522	0.379	3.41E-86
TEM	HCLS1	0.22499	0.709	0.6	2.78E-67
TEM	EML4	0.22480	0.567	0.431	2.23E-73
TEM	SPTAN1	0.22449	0.416	0.266	1.11E-97
TEM	SHISA5	0.22385	0.53	0.392	3.36E-78
TEM	TNFSF10	0.22383	0.262	0.117	4.26E-165
TEM	M6PR	0.22377	0.466	0.315	1.02E-94
TEM	MAP1LC3B	0.22368	0.491	0.333	1.62E-98
TEM	CCR10	0.22355	0.112	0.012	0
TEM	OSTF1	0.22339	0.441	0.291	3.41E-97
TEM	PTPRCAP	0.22309	0.579	0.446	4.45E-71
TEM	NFKBIA	0.22303	0.809	0.683	1.60E-88
TEM	SEC11A	0.22290	0.449	0.303	3.09E-92
TEM	VDAC1	0.22265	0.361	0.207	4.96E-122
TEM	UBE2L3	0.22236	0.474	0.322	5.35E-95
TEM	OGDH	0.22235	0.288	0.137	1.24E-157
TEM	HSP90AA1	0.22130	0.877	0.799	8.88E-72
TEM	CD44	0.22064	0.745	0.631	6.15E-65
TEM	ZFP36L1	0.21999	0.51	0.39	9.85E-58
TEM	IQGAP1	0.21988	0.417	0.268	1.08E-97
TEM	PLEC	0.21936	0.249	0.112	1.43E-152
TEM	CSK	0.21822	0.409	0.272	7.15E-85

TEM	ZFP36L2	0.21813	0.954	0.943	6.40E-47
TEM	SUMO1	0.21781	0.463	0.311	1.71E-96
TEM	EIF3A	0.21754	0.486	0.351	2.50E-72
TEM	ADAM8	0.21699	0.245	0.098	3.61E-194
TEM	AIRE	0.21693	0.11	0.01	0
TEM	TMX4	0.21666	0.374	0.227	3.22E-104
TEM	PPP4C	0.21657	0.365	0.217	8.52E-110
TEM	SPN	0.21628	0.356	0.209	2.92E-109
TEM	CDKN2D	0.21567	0.327	0.18	6.16E-121
TEM	NDUFC2	0.21544	0.481	0.322	2.12E-98
TEM	PSMA5	0.21527	0.357	0.209	7.15E-112
TEM	DEK	0.21519	0.494	0.359	5.38E-74
TEM	PPM1G	0.21518	0.429	0.279	6.72E-97
TEM	COX5B	0.21407	0.741	0.616	2.67E-75
TEM	GNAI2	0.21328	0.393	0.24	1.58E-106
TEM	EVL	0.21126	0.853	0.783	1.55E-56
TEM	GLUL	0.21126	0.224	0.098	8.71E-145
TEM	BLVRA	0.21109	0.239	0.1	4.37E-175
TEM	ITGB1BP1	0.21063	0.324	0.172	7.43E-134
TEM	UQCR10	0.21033	0.652	0.515	1.03E-73
TEM	RHOF	0.21012	0.443	0.297	1.29E-87
TEM	PI16	0.20942	0.201	0.071	3.02E-201
TEM	PSMB2	0.20855	0.321	0.176	4.17E-121
TEM	SNRPB	0.20850	0.564	0.424	2.64E-76
TEM	BIN1	0.20849	0.577	0.453	5.40E-64
TEM	DIAPH1	0.20848	0.323	0.177	6.00E-120
TEM	TMEM258	0.20828	0.649	0.507	6.20E-79
TEM	ARL6IP5	0.20807	0.761	0.654	5.02E-62
TEM	POLR2L	0.20797	0.595	0.453	2.81E-75
TEM	NDUFB7	0.20793	0.457	0.319	1.10E-80
TEM	UQCQRQ	0.20778	0.537	0.39	4.84E-79
TEM	MVP	0.20758	0.395	0.253	3.33E-92
TEM	MFSD10	0.20691	0.321	0.178	3.71E-115
TEM	PRNP	0.20606	0.338	0.194	2.53E-109
TEM	TLN1	0.20592	0.344	0.197	4.08E-111
TEM	FAS	0.20513	0.236	0.095	1.78E-180
TEM	PARK7	0.20491	0.586	0.459	4.33E-64
TEM	ISG20	0.20444	0.635	0.529	8.86E-51
TEM	ATP2B1	0.20408	0.299	0.162	6.93E-113
TEM	PSMC5	0.20405	0.497	0.364	1.05E-72
TEM	APOBEC3G	0.20375	0.252	0.109	1.58E-168
TEM	TMEM59	0.20357	0.547	0.415	1.86E-70
TEM	TMEM173	0.20311	0.37	0.238	1.34E-84
TEM	NEDD8	0.20307	0.601	0.461	1.08E-73
TEM	NDUFA11	0.20303	0.66	0.535	7.64E-68
TEM	RPN1	0.20208	0.41	0.266	1.41E-90
TEM	CD6	0.20189	0.53	0.42	1.28E-51
TEM	VASP	0.20175	0.326	0.19	4.85E-101
TEM	LIMS1	0.20088	0.344	0.233	6.55E-59
TEM	WDR83OS	0.20082	0.538	0.389	8.65E-81
TEM	ATP2B4	0.20064	0.234	0.1	1.31E-160

TEM	NDUFB8	0.20063	0.622	0.501	2.08E-62
TEM	AP2M1	0.20046	0.487	0.348	5.20E-77
TEM	CHMP2A	0.20044	0.332	0.193	1.75E-103
TEM	H2AFZ	0.20029	0.561	0.448	1.31E-51
TEM	CDC42	0.20019	0.736	0.63	3.32E-56
TEM	PHPT1	0.20005	0.303	0.17	3.74E-104
TEM	CD27	-0.20113	0.307	0.465	1.39E-71
TEM	NDFIP1	-0.20622	0.5	0.568	1.08E-34
TEM	FHIT	-0.20627	0.104	0.225	1.49E-70
TEM	LBH	-0.20799	0.323	0.435	3.28E-48
TEM	SNHG8	-0.20836	0.535	0.619	4.97E-39
TEM	EIF3E	-0.21360	0.744	0.792	9.25E-51
TEM	BTG1	-0.21503	0.957	0.983	1.41E-71
TEM	TXK	-0.21871	0.051	0.191	1.22E-105
TEM	EIF4B	-0.22332	0.663	0.74	2.33E-54
TEM	MBNL1	-0.22493	0.629	0.703	2.67E-48
TEM	ABLIM1	-0.22723	0.279	0.388	4.26E-49
TEM	PNRC1	-0.22827	0.844	0.898	9.65E-65
TEM	FOSB	-0.22952	0.288	0.371	3.32E-32
TEM	AIF1	-0.23155	0.02	0.151	4.10E-111
TEM	ACTN1	-0.23466	0.038	0.186	3.15E-120
TEM	NACA	-0.23501	1	1	1.65E-168
TEM	NOP53	-0.23747	0.841	0.9	6.19E-82
TEM	ZFAS1	-0.23839	0.681	0.758	1.10E-65
TEM	SNHG6	-0.24179	0.758	0.834	3.11E-73
TEM	NPM1	-0.24201	0.969	0.981	3.99E-102
TEM	OXNAD1	-0.24941	0.268	0.402	1.36E-70
TEM	MAL	-0.25155	0.451	0.6	2.30E-76
TEM	LINC00861	-0.25265	0.307	0.436	1.11E-64
TEM	SARAF	-0.26233	0.97	0.984	4.30E-114
TEM	AL138963.4	-0.26355	0.281	0.302	.0319517941
TEM	PLAC8	-0.26577	0.101	0.271	5.21E-121
TEM	ADTRP	-0.27214	0.026	0.187	2.92E-143
TEM	SATB1	-0.27750	0.115	0.284	4.00E-119
TEM	TOMM7	-0.29387	0.967	0.988	3.36E-164
TEM	CD7	-0.30700	0.431	0.597	3.15E-94
TEM	GAS5	-0.33087	0.827	0.914	1.07E-150
TEM	EEF1G	-0.34990	0.983	0.997	1.28E-267
TEM	FOXP1	-0.35146	0.437	0.598	5.38E-124
TEM	LEF1	-0.35491	0.371	0.537	3.11E-120
TEM	FCMR	-0.36314	0.304	0.508	1.50E-148
TEM	SNHG29	-0.36640	0.87	0.931	5.26E-181
TEM	TXNIP	-0.37384	0.886	0.961	1.57E-116
TEM	PIK3IP1	-0.37896	0.404	0.579	1.50E-141
TEM	PABPC1	-0.38973	0.973	0.99	1.23E-273
TEM	PRKCQ-AS1	-0.41833	0.282	0.485	1.06E-156
TEM	C12orf57	-0.45462	0.749	0.881	1.55E-234
TEM	JUN	-0.45941	0.814	0.848	1.98E-42
TEM	TCF7	-0.48775	0.384	0.615	1.76E-221
TEM	CCR7	-0.54604	0.129	0.424	7.61E-302
TEM	EEF1B2	-0.56952	0.984	0.999	0

TEM	MALAT1	-0.58482	0.991	0.999	3.59E-275
TEM	SELL	-0.59432	0.299	0.634	0
Treg	FOXP3	1.07105	0.568	0.019	0
Treg	IL32	1.05815	0.99	0.932	0
Treg	CD74	0.95944	0.796	0.656	0
Treg	RGS1	0.92710	0.565	0.154	0
Treg	PMAIP1	0.86764	0.469	0.102	0
Treg	HLA-DRB1	0.77226	0.396	0.085	0
Treg	RTKN2	0.73979	0.401	0.035	0
Treg	DUSP4	0.70339	0.369	0.057	0
Treg	SAT1	0.69525	0.635	0.409	0
Treg	IL10RA	0.65614	0.644	0.32	0
Treg	EZR	0.64254	0.717	0.441	0
Treg	S100A4	0.64191	0.969	0.836	0
Treg	GBP5	0.63587	0.487	0.173	0
Treg	TIGIT	0.63273	0.414	0.053	0
Treg	ARID5B	0.60644	0.664	0.377	0
Treg	S100A10	0.57533	0.916	0.786	0
Treg	ACTB	0.56734	1	0.999	0
Treg	CYTOR	0.56109	0.379	0.088	0
Treg	LGALS3	0.54393	0.346	0.077	0
Treg	UBC	0.53675	0.996	0.975	0
Treg	HLA-A	0.53582	1	0.999	0
Treg	LSP1	0.51606	0.853	0.714	0
Treg	HLA-DPA1	0.51330	0.386	0.143	0
Treg	STAM	0.51122	0.385	0.075	0
Treg	TENT5C	0.49501	0.509	0.242	0
Treg	KLF6	0.48826	0.868	0.733	1.92E-271
Treg	FCMR	0.48012	0.705	0.49	0
Treg	SRGN	0.47906	0.811	0.658	1.41E-284
Treg	HLA-DPB1	0.47780	0.377	0.152	0
Treg	GAPDH	0.47563	0.983	0.947	0
Treg	ANXA2	0.46306	0.478	0.218	0
Treg	SH3BGRL3	0.46166	0.982	0.947	0
Treg	CTLA4	0.45302	0.294	0.055	0
Treg	HLA-DRA	0.44692	0.209	0.026	0
Treg	ISG20	0.44456	0.706	0.523	2.34E-297
Treg	TNFRSF1B	0.44289	0.412	0.155	0
Treg	PFN1	0.42557	0.998	0.991	0
Treg	YWHAB	0.42054	0.862	0.756	1.71E-292
Treg	HLA-DQB1	0.41364	0.262	0.047	0
Treg	CD27	0.41216	0.642	0.45	2.69E-269
Treg	LGALS1	0.41035	0.431	0.268	8.79E-169
Treg	IL2RA	0.40574	0.284	0.055	0
Treg	ARHGDI1	0.40143	0.988	0.976	0
Treg	USP15	0.39901	0.565	0.374	5.63E-264
Treg	CLIC1	0.39865	0.683	0.505	5.09E-245
Treg	TMSB4X	0.38799	1	1	0
Treg	UCP2	0.38686	0.694	0.565	2.80E-152
Treg	DUSP1	0.38433	0.922	0.852	1.11E-178
Treg	MIR4435-2HG	0.37819	0.241	0.039	0

Treg	HERPUD1	0.37230	0.458	0.271	7.29E-245
Treg	OAZ1	0.36249	0.89	0.816	1.24E-223
Treg	IKZF2	0.35648	0.238	0.013	0
Treg	B2M	0.35504	1	1	0
Treg	SELPLG	0.35330	0.581	0.426	1.41E-183
Treg	DOK2	0.35135	0.423	0.232	2.45E-273
Treg	PELI1	0.34838	0.384	0.191	0
Treg	BTG2	0.34633	0.612	0.498	1.07E-111
Treg	CCM2	0.34591	0.382	0.172	0
Treg	ACTG1	0.34561	0.99	0.979	1.10E-138
Treg	HLA-DRB5	0.34541	0.225	0.039	0
Treg	CD52	0.34350	0.996	0.99	6.18E-248
Treg	EVL	0.33188	0.865	0.782	4.53E-191
Treg	SYNE2	0.32953	0.54	0.39	2.11E-147
Treg	RHOG	0.32752	0.558	0.388	2.36E-194
Treg	GBP2	0.32658	0.366	0.194	1.12E-242
Treg	SAMHD1	0.32550	0.617	0.471	1.29E-157
Treg	ITGB1	0.32289	0.567	0.369	2.37E-195
Treg	TTC39C	0.32233	0.487	0.326	5.66E-175
Treg	CXCR4	0.32011	0.905	0.847	1.88E-141
Treg	TTN	0.31740	0.252	0.101	8.06E-292
Treg	H3F3A	0.31498	0.882	0.827	2.62E-156
Treg	RAC2	0.31354	0.91	0.858	6.91E-169
Treg	SKAP1	0.30989	0.551	0.399	3.01E-166
Treg	DDX5	0.30945	0.967	0.936	3.76E-197
Treg	DUSP10	0.30910	0.233	0.045	0
Treg	SMCHD1	0.30885	0.64	0.512	6.31E-134
Treg	PBXIP1	0.30529	0.577	0.422	3.62E-153
Treg	NCF4	0.30322	0.244	0.049	0
Treg	SELL	0.29789	0.722	0.618	1.46E-100
Treg	CARD16	0.29764	0.402	0.245	7.38E-184
Treg	CORO1A	0.29704	0.938	0.896	3.90E-142
Treg	ARPC1B	0.29559	0.755	0.661	5.28E-112
Treg	CLDND1	0.28931	0.386	0.22	5.02E-204
Treg	JUN	0.28458	0.905	0.843	7.73E-76
Treg	BIRC3	0.28281	0.402	0.245	4.54E-174
Treg	SUB1	0.27973	0.723	0.614	5.28E-127
Treg	PPP1R15A	0.27962	0.838	0.733	1.67E-110
Treg	OPTN	0.27822	0.454	0.297	4.48E-161
Treg	BATF	0.27758	0.264	0.104	0
Treg	HCLS1	0.27745	0.708	0.598	1.38E-128
Treg	GSTK1	0.27723	0.855	0.79	3.79E-127
Treg	SUMO2	0.27165	0.817	0.736	9.29E-138
Treg	EIF1	0.27105	1	1	4.40E-301
Treg	DNAJB1	0.26988	0.874	0.798	3.05E-129
Treg	JUNB	0.26755	0.987	0.976	6.24E-86
Treg	HSPA8	0.26742	0.956	0.924	4.78E-140
Treg	CDKN1B	0.26692	0.584	0.459	3.24E-108
Treg	NIBAN1	0.26644	0.239	0.073	0
Treg	PIK3R1	0.26610	0.605	0.5	4.13E-90
Treg	IER2	0.26477	0.72	0.616	3.27E-74

Treg	RHOH	0.26460	0.579	0.463	1.40E-102
Treg	EMP3	0.26413	0.854	0.768	6.03E-126
Treg	ALDOA	0.26266	0.656	0.542	1.66E-107
Treg	CFL1	0.26218	0.984	0.968	8.31E-173
Treg	CCR6	0.25740	0.221	0.084	2.60E-271
Treg	LIME1	0.25664	0.763	0.694	1.20E-80
Treg	RCSD1	0.25638	0.517	0.381	2.20E-119
Treg	CD44	0.25593	0.726	0.63	1.84E-100
Treg	PRDM1	0.25515	0.256	0.117	9.20E-219
Treg	GLRX	0.25451	0.332	0.201	1.27E-139
Treg	TSC22D3	0.25352	0.968	0.944	1.03E-101
Treg	YWHAZ	0.25335	0.871	0.804	1.24E-126
Treg	CD2	0.25239	0.609	0.509	2.63E-78
Treg	LMNA	0.24979	0.285	0.148	6.92E-168
Treg	SLFN5	0.24857	0.398	0.274	5.45E-107
Treg	TBC1D4	0.24821	0.21	0.073	0
Treg	HMGB2	0.24772	0.42	0.287	8.14E-120
Treg	H3F3B	0.24682	0.991	0.977	4.27E-129
Treg	IL2RB	0.24673	0.241	0.076	0
Treg	MYL6	0.24527	0.887	0.848	8.57E-99
Treg	PYHIN1	0.24303	0.271	0.117	1.24E-264
Treg	SRSF5	0.24300	0.888	0.826	1.42E-115
Treg	PTMA	0.24251	1	1	4.75E-238
Treg	CORO1B	0.24226	0.499	0.394	1.13E-76
Treg	SRSF3	0.24226	0.618	0.517	3.96E-88
Treg	JAK1	0.23885	0.714	0.619	2.12E-91
Treg	CD247	0.23705	0.584	0.476	7.96E-84
Treg	F5	0.23678	0.172	0.031	0
Treg	HLA-C	0.23569	1	0.999	4.04E-192
Treg	CALM1	0.23485	0.972	0.957	1.07E-135
Treg	EPC1	0.23309	0.698	0.6	1.87E-89
Treg	TAGLN2	0.23220	0.829	0.748	1.82E-76
Treg	EIF3A	0.23181	0.472	0.35	7.82E-95
Treg	ARPC2	0.23161	0.763	0.685	3.18E-87
Treg	PPP1R18	0.23142	0.394	0.262	7.60E-120
Treg	EID1	0.23003	0.629	0.511	2.38E-94
Treg	ATP2B1	0.22918	0.29	0.16	1.88E-152
Treg	TUBB4B	0.22875	0.384	0.261	4.25E-98
Treg	FCRL3	0.22802	0.148	0.01	0
Treg	ARPC3	0.22677	0.808	0.75	5.73E-82
Treg	LCK	0.22631	0.742	0.661	3.14E-80
Treg	HLA-E	0.22608	0.995	0.989	8.49E-140
Treg	ANXA5	0.22563	0.394	0.259	4.51E-120
Treg	PPIA	0.22521	0.979	0.961	2.21E-132
Treg	FAS	0.22439	0.234	0.093	4.05E-267
Treg	TPR	0.22348	0.485	0.41	1.44E-44
Treg	HSP90AA1	0.22222	0.857	0.798	2.87E-83
Treg	MAPK11P1L	0.21908	0.512	0.395	5.55E-89
Treg	RAD21	0.21906	0.513	0.395	4.03E-89
Treg	IL2RG	0.21733	0.805	0.764	7.35E-64
Treg	SQSTM1	0.21504	0.459	0.346	4.18E-82

Treg	TOX	0.21221	0.163	0.031	0
Treg	GMFG	0.21208	0.821	0.767	6.40E-67
Treg	SCAND1	0.21145	0.573	0.482	1.22E-66
Treg	S100A6	0.21069	0.929	0.898	5.22E-78
Treg	C12orf75	0.21061	0.27	0.134	8.77E-180
Treg	FTH1	0.20931	1	0.999	1.39E-147
Treg	RNF214	0.20872	0.251	0.119	6.57E-194
Treg	LIMD2	0.20868	0.824	0.77	4.72E-61
Treg	BUB3	0.20642	0.421	0.299	9.39E-97
Treg	CDC25B	0.20605	0.471	0.36	2.21E-78
Treg	TMSB10	0.20574	1	1	6.56E-97
Treg	PTGES3	0.20566	0.677	0.588	3.43E-73
Treg	TLE5	0.20456	0.854	0.822	1.88E-60
Treg	SRSF7	0.20409	0.725	0.648	5.24E-61
Treg	CD53	0.20408	0.538	0.443	9.77E-66
Treg	BTG3	0.20354	0.23	0.098	3.13E-224
Treg	MAD1L1	0.20187	0.37	0.244	3.56E-110
Treg	MAT2B	0.20168	0.435	0.318	2.81E-88
Treg	AC133644.2	0.20044	0.148	0.032	0
Treg	ARMH1	-0.20090	0.05	0.176	2.65E-132
Treg	SERP1	-0.20537	0.62	0.716	3.89E-76
Treg	HINT1	-0.21069	0.903	0.949	2.79E-105
Treg	SNHG8	-0.21086	0.516	0.621	1.76E-68
Treg	BHLHE40	-0.21095	0.022	0.122	5.35E-113
Treg	AL138963.4	-0.21177	0.272	0.303	2.44E-05
Treg	CD55	-0.21344	0.205	0.326	5.35E-84
Treg	NOP53	-0.21352	0.842	0.901	6.02E-96
Treg	CD6	-0.21601	0.293	0.431	2.35E-94
Treg	NSA2	-0.21750	0.531	0.641	1.78E-80
Treg	THEMIS	-0.21775	0.044	0.188	7.70E-164
Treg	CD48	-0.21778	0.756	0.838	1.04E-92
Treg	GIMAP5	-0.22209	0.224	0.366	2.76E-104
Treg	EIF3E	-0.22384	0.712	0.795	1.78E-93
Treg	OXNAD1	-0.22608	0.276	0.403	6.06E-88
Treg	NUCB2	-0.22852	0.127	0.268	3.08E-123
Treg	GPSM3	-0.23091	0.738	0.839	4.21E-120
Treg	TNFAIP3	-0.23115	0.751	0.77	2.10E-19
Treg	AIF1	-0.23150	0.022	0.153	1.16E-159
Treg	USP10	-0.23154	0.16	0.269	1.77E-80
Treg	ID2	-0.23566	0.132	0.244	6.82E-84
Treg	GZMM	-0.24225	0.208	0.354	7.49E-114
Treg	SCML4	-0.24436	0.079	0.239	4.94E-169
Treg	ARHGAP15	-0.24794	0.362	0.494	4.83E-97
Treg	TSHZ2	-0.25162	0.121	0.267	1.65E-132
Treg	FAU	-0.25409	1	1	0
Treg	INPP4B	-0.25624	0.237	0.403	7.70E-135
Treg	AREG	-0.25996	0.06	0.194	1.94E-140
Treg	IFITM3	-0.26146	0.135	0.279	1.13E-127
Treg	GIMAP7	-0.26193	0.372	0.527	2.52E-116
Treg	TRABD2A	-0.26227	0.111	0.275	1.13E-165
Treg	SLC40A1	-0.26408	0.026	0.177	8.44E-190

Treg	TC2N	-0.27355	0.171	0.346	1.82E-164
Treg	RBMS1	-0.27473	0.096	0.273	4.02E-192
Treg	PTGER4	-0.27920	0.289	0.45	2.37E-125
Treg	MGAT4A	-0.28020	0.309	0.492	8.91E-158
Treg	CCND3	-0.28576	0.547	0.701	5.42E-155
Treg	XBP1	-0.28771	0.181	0.357	1.95E-164
Treg	TOMM7	-0.28884	0.968	0.988	3.02E-238
Treg	PLAC8	-0.29312	0.087	0.275	1.66E-210
Treg	NELL2	-0.30170	0.036	0.219	1.78E-235
Treg	CTSW	-0.30338	0.103	0.25	1.78E-141
Treg	GZMA	-0.30480	0.04	0.106	4.78E-56
Treg	EEF1A1	-0.30953	1	1	0
Treg	PIM1	-0.31224	0.291	0.451	1.85E-138
Treg	SATB1	-0.32187	0.089	0.289	5.36E-234
Treg	GAS5	-0.32521	0.837	0.915	1.14E-203
Treg	PRKCQ-AS1	-0.32569	0.31	0.487	1.36E-157
Treg	CD7	-0.34051	0.451	0.599	8.85E-139
Treg	CCR7	-0.34202	0.24	0.423	6.27E-176
Treg	ABLIM1	-0.34373	0.2	0.394	8.28E-200
Treg	SNHG29	-0.34486	0.854	0.933	1.21E-233
Treg	EEF1G	-0.34558	0.99	0.996	0
Treg	FOS	-0.34732	0.887	0.895	5.03E-48
Treg	ZFP36L2	-0.37530	0.898	0.946	1.08E-148
Treg	IFITM1	-0.40250	0.896	0.988	0
Treg	C1orf162	-0.40329	0.12	0.363	0
Treg	IFITM2	-0.40845	0.507	0.686	8.52E-215
Treg	KLRB1	-0.41003	0.092	0.195	6.18E-86
Treg	EEF1B2	-0.50463	0.989	0.999	0
Treg	TCF7	-0.67607	0.27	0.625	0
Treg	ANXA1	-0.83767	0.224	0.603	0
Treg	NOSIP	-0.87798	0.434	0.782	0
Treg	CCL5	-0.87903	0.035	0.133	1.62E-105
Treg	IL7R	-0.97763	0.669	0.92	0

avg_log2FC, log2 de la tasa de cambio de la expresión media entre los 2 grupos comparados; pci

Tabla 7. Marcadores de expresión de los 8 subclustes identificados en la subpoblación de Tregs.

Cluster	Gen	avg_log2FC	pct.1	pct.2	p_val_adj
0	S100A4	0.446056	0.993	0.962	6.57E-75
0	LGALS1	0.436908	0.58	0.385	8.46E-29
0	CRIP1	0.399212	0.923	0.844	1.87E-33
0	PMAIP1	0.356488	0.565	0.439	2.80E-19
0	IL32	0.348956	0.999	0.988	3.81E-57
0	SH3BGRL3	0.327996	0.998	0.977	1.14E-55
0	CD52	0.287770	1	0.994	6.88E-45
0	S100A10	0.283033	0.944	0.907	6.20E-23
0	CYTOR	0.271487	0.516	0.337	2.09E-24
0	MYL6	0.269362	0.943	0.87	6.30E-30
0	HLA-A	0.268480	1	1	3.53E-55
0	S100A6	0.267534	0.956	0.921	4.81E-20
0	LGALS3	0.265588	0.462	0.31	2.39E-17
0	ANXA2	0.264005	0.601	0.44	2.27E-20
0	AHNAK	0.257536	0.645	0.556	4.21E-11
0	FLNA	0.235980	0.539	0.419	3.91E-14
0	SYNE2	0.227578	0.629	0.513	1.03E-11
0	TMSB10	0.225993	1	1	4.00E-42
0	S100A11	0.222389	0.472	0.366	1.96E-10
0	VIM	0.219344	0.983	0.967	4.49E-11
0	EMP3	0.217335	0.896	0.841	3.55E-14
0	PFN1	0.216040	1	0.997	1.20E-30
0	CTLA4	0.213409	0.388	0.264	2.41E-12
0	B2M	0.209773	1	1	4.17E-58
0	TAGLN2	0.208072	0.867	0.818	2.61E-07
0	IL2RG	0.201436	0.855	0.789	7.72E-11
0	RGCC	-0.201647	0.33	0.424	4.14E-06
0	C12orf57	-0.222921	0.817	0.872	1.25E-10
0	ZFP36L2	-0.240638	0.899	0.898	7.76E-05
0	EGR1	-0.244804	0.037	0.136	1.96E-24
0	GADD45B	-0.277638	0.425	0.552	7.15E-11
0	EEF1B2	-0.279618	0.995	0.987	2.29E-18
0	FOSB	-0.307237	0.262	0.42	1.86E-22
0	RGS1	-0.339380	0.509	0.582	1.52E-10
0	NR4A2	-0.343628	0.347	0.491	1.43E-21
0	DUSP1	-0.354283	0.906	0.928	2.55E-17
0	RTKN2	-0.366108	0.31	0.429	1.16E-28
0	BTG2	-0.394320	0.514	0.643	2.28E-24
0	DUSP2	-0.421282	0.324	0.485	7.28E-28
0	FOXP3	-0.559938	0.438	0.609	1.05E-61
0	IER2	-0.591259	0.631	0.748	9.22E-37
0	JUNB	-0.612592	0.99	0.986	5.22E-42
0	NFKBIA	-0.620413	0.618	0.782	4.70E-50

0	ZFP36	-0.642018	0.787	0.859	1.08E-40
0	JUN	-0.936833	0.85	0.922	2.94E-77
0	FOS	-0.992846	0.828	0.906	1.23E-82
1	FOS	1.136592	0.98	0.867	3.23E-174
1	JUN	1.054328	0.979	0.889	3.13E-156
1	ZFP36	0.938994	0.969	0.815	7.87E-149
1	IER2	0.858644	0.902	0.681	3.49E-116
1	JUNB	0.812332	0.997	0.985	6.95E-162
1	DUSP1	0.725399	0.983	0.909	2.08E-126
1	BTG2	0.692359	0.804	0.571	1.15E-84
1	NFKBIA	0.690064	0.893	0.711	1.82E-72
1	DUSP2	0.647811	0.676	0.397	1.23E-69
1	RGS1	0.636394	0.741	0.526	3.82E-61
1	NR4A2	0.467461	0.63	0.42	3.19E-40
1	CD69	0.446259	0.82	0.69	2.99E-34
1	FOSB	0.435701	0.564	0.344	3.70E-42
1	GADD45B	0.433839	0.679	0.488	1.15E-30
1	ZFP36L2	0.428631	0.95	0.887	2.21E-34
1	PPP1R15A	0.421609	0.945	0.815	1.39E-49
1	EGR1	0.417082	0.245	0.084	7.87E-40
1	RGCC	0.370590	0.537	0.373	1.10E-23
1	TNFAIP3	0.334274	0.814	0.738	8.92E-16
1	KLF6	0.310745	0.919	0.857	2.83E-20
1	DDIT4	0.307348	0.516	0.381	2.01E-17
1	CSRNP1	0.305892	0.514	0.34	7.04E-24
1	SLC2A3	0.301124	0.642	0.506	2.61E-16
1	HSPA5	0.299894	0.718	0.6	1.18E-13
1	SRSF7	0.290954	0.799	0.708	1.60E-15
1	TUBB4B	0.277980	0.49	0.361	7.62E-13
1	CITED2	0.274514	0.476	0.368	6.86E-11
1	SAT1	0.258874	0.717	0.618	1.12E-08
1	DNAJB1	0.258183	0.922	0.863	1.22E-17
1	CXCR4	0.244489	0.924	0.901	6.80E-08
1	YPEL5	0.232550	0.63	0.538	3.84E-09
1	H3F3B	0.226253	0.996	0.989	2.44E-19
1	CCNL1	0.217670	0.702	0.597	1.64E-09
1	SERTAD1	0.214077	0.333	0.185	4.79E-18
1	ANXA1	0.212979	0.292	0.209	5.05E-06
1	EIF1	0.209577	1	1	9.10E-31
1	TSPYL2	0.209078	0.348	0.23	8.57E-12
1	SRGN	0.206773	0.878	0.796	1.64E-09
1	BTG1	0.205059	0.99	0.983	1.05E-11
1	CCNH	0.204645	0.431	0.317	8.59E-10
1	HLA-DPB1	-0.233401	0.341	0.385	3.48E-04
1	HLA-DPA1	-0.281213	0.339	0.396	7.27E-07
1	HLA-DRB1	-0.371733	0.359	0.404	2.90E-07

1	FOXP3	-0.382911	0.472	0.589	2.48E-18
1	RTKN2	-0.399556	0.294	0.424	1.60E-21
1	HLA-DRA	-0.405412	0.103	0.232	5.00E-27
1	CD74	-0.487824	0.829	0.789	4.85E-02
2	FOXP3	0.556366	0.998	0.495	2.66E-118
2	EEF1B2	0.516937	1	0.987	5.46E-112
2	GAS5	0.405088	0.93	0.822	8.78E-43
2	TCF7	0.318984	0.44	0.241	8.13E-25
2	PABPC1	0.313069	0.996	0.979	2.88E-38
2	C12orf57	0.306323	0.915	0.849	9.43E-18
2	SNHG29	0.297265	0.921	0.842	7.19E-23
2	ZFAS1	0.294231	0.803	0.696	6.87E-17
2	SNHG6	0.290135	0.864	0.776	4.61E-17
2	EEF1A1	0.269834	1	1	9.65E-100
2	CCR7	0.267701	0.393	0.214	9.98E-21
2	EEF1G	0.243091	0.995	0.989	7.80E-25
2	PRKCQ-AS1	0.239925	0.427	0.29	2.21E-12
2	TOMM7	0.230472	0.98	0.966	5.27E-15
2	CCND3	0.225091	0.662	0.527	2.72E-11
2	EIF3E	0.211499	0.773	0.702	6.30E-08
2	IFITM1	0.205100	0.974	0.882	1.80E-17
2	PLAC8	0.204778	0.204	0.067	6.73E-24
2	PSME1	-0.200490	0.786	0.837	5.70E-06
2	CCM2	-0.201073	0.281	0.399	4.49E-09
2	ATP5MF	-0.201187	0.369	0.487	2.32E-08
2	JAK1	-0.201555	0.65	0.724	1.40E-05
2	SKAP1	-0.201862	0.472	0.565	9.97E-06
2	NEAT1	-0.202124	0.273	0.346	7.21E-03
2	COX5A	-0.203255	0.353	0.467	7.11E-09
2	MCL1	-0.203295	0.305	0.412	8.66E-07
2	ICAM3	-0.203418	0.507	0.62	1.51E-07
2	CREM	-0.204763	0.153	0.26	3.68E-10
2	ALDOA	-0.204776	0.59	0.667	6.02E-06
2	PRDX1	-0.205041	0.335	0.449	1.70E-08
2	STAT1	-0.206444	0.197	0.29	3.18E-06
2	HNRNPLL	-0.206933	0.09	0.223	1.54E-17
2	REEP5	-0.207569	0.178	0.299	4.91E-12
2	BATF	-0.207997	0.171	0.28	1.30E-09
2	STAM	-0.208484	0.291	0.401	7.08E-08
2	FAS	-0.209027	0.121	0.254	5.04E-15
2	SAMHD1	-0.209711	0.534	0.631	1.19E-05
2	SCAND1	-0.210414	0.495	0.586	3.31E-06
2	CAPN2	-0.212215	0.279	0.393	1.38E-09
2	PI16	-0.212293	0.038	0.163	1.77E-22
2	SPTAN1	-0.212780	0.262	0.376	4.72E-09
2	CD53	-0.213400	0.447	0.554	2.00E-07

2	EIF3A	-0.213579	0.387	0.486	5.42E-07
2	TPI1	-0.216306	0.459	0.572	3.13E-08
2	ISG15	-0.217196	0.157	0.261	6.72E-09
2	IQGAP1	-0.217231	0.256	0.369	1.71E-09
2	OGDH	-0.217892	0.133	0.273	2.20E-17
2	PGAM1	-0.218014	0.248	0.378	3.80E-12
2	STK17B	-0.218236	0.617	0.669	1.20E-04
2	HIGD2A	-0.218450	0.532	0.632	4.54E-08
2	DUSP10	-0.218644	0.118	0.252	4.17E-16
2	HLA-DMA	-0.218920	0.032	0.164	1.52E-26
2	HCLS1	-0.221232	0.627	0.722	1.83E-08
2	SERF2	-0.221490	0.936	0.959	3.89E-11
2	CDC25B	-0.222330	0.377	0.487	1.35E-08
2	CASP8	-0.222580	0.169	0.292	3.36E-12
2	LY6E	-0.223948	0.494	0.585	3.47E-06
2	ANXA6	-0.224878	0.368	0.489	2.33E-09
2	MYL12B	-0.226121	0.688	0.782	1.51E-10
2	SPOCK2	-0.226779	0.536	0.63	3.84E-07
2	SUMO2	-0.228638	0.776	0.824	3.50E-08
2	GBP2	-0.228686	0.267	0.382	1.12E-09
2	PRDM1	-0.229080	0.145	0.275	1.88E-12
2	ARPC4	-0.229185	0.436	0.549	1.24E-09
2	GATA3	-0.229251	0.231	0.34	5.69E-08
2	C4orf48	-0.230280	0.102	0.239	9.37E-19
2	GLRX	-0.231954	0.216	0.351	5.99E-12
2	CAP1	-0.232759	0.453	0.559	3.97E-09
2	EMB	-0.233587	0.281	0.399	3.86E-10
2	TRAPPC1	-0.233763	0.311	0.436	1.50E-11
2	TLE5	-0.235003	0.822	0.86	2.81E-07
2	CD82	-0.236177	0.1	0.249	1.15E-21
2	CARD16	-0.236290	0.297	0.42	1.91E-10
2	PSMB9	-0.236970	0.481	0.589	4.32E-09
2	HLA-E	-0.238476	0.987	0.996	3.02E-20
2	CAST	-0.238606	0.335	0.463	1.50E-09
2	PPP1R18	-0.239319	0.29	0.412	1.23E-11
2	PPP2R5C	-0.240339	0.3	0.431	2.59E-10
2	ATP2B1	-0.240363	0.173	0.31	2.29E-14
2	C9orf16	-0.248737	0.436	0.558	9.20E-12
2	CD5	-0.248946	0.333	0.44	5.50E-10
2	BAX	-0.249629	0.251	0.364	7.98E-10
2	SEC61B	-0.250331	0.343	0.497	7.77E-15
2	DBI	-0.253037	0.312	0.461	3.40E-15
2	CLDND1	-0.254271	0.276	0.404	2.71E-12
2	ARL4C	-0.254275	0.434	0.529	1.31E-08
2	RNF213	-0.256952	0.248	0.388	3.51E-14
2	GMFG	-0.257026	0.761	0.831	9.24E-11

2	CCR6	-0.257607	0.102	0.242	1.00E-17
2	EVL	-0.258345	0.805	0.875	6.68E-12
2	CD2	-0.261407	0.522	0.624	2.44E-09
2	CTSC	-0.261623	0.172	0.318	1.95E-18
2	CD69	-0.261810	0.65	0.724	5.06E-06
2	SLC9A3R1	-0.262642	0.298	0.453	7.76E-16
2	GUK1	-0.262736	0.454	0.586	1.83E-13
2	CD3D	-0.263561	0.816	0.87	3.82E-12
2	LRRFIP1	-0.264476	0.346	0.483	4.66E-13
2	MYO1G	-0.267050	0.231	0.383	1.98E-16
2	ATP5F1E	-0.267105	0.958	0.973	2.82E-18
2	LCK	-0.268485	0.669	0.754	5.19E-12
2	YWHAZ	-0.270913	0.804	0.883	6.21E-15
2	TXN	-0.275422	0.273	0.427	4.70E-17
2	ZYX	-0.277282	0.361	0.471	3.27E-11
2	LAT	-0.281424	0.476	0.597	1.69E-13
2	PBXIP1	-0.281846	0.478	0.593	4.00E-12
2	TTC39C	-0.285369	0.379	0.505	4.20E-13
2	ITGB2	-0.285465	0.421	0.538	1.13E-12
2	TTN	-0.286849	0.139	0.272	5.89E-16
2	NIBAN1	-0.288131	0.088	0.265	4.88E-31
2	CST7	-0.288917	0.124	0.29	2.63E-23
2	RHOG	-0.293050	0.425	0.58	3.79E-17
2	LCP1	-0.295257	0.487	0.606	2.57E-13
2	OAZ1	-0.295583	0.833	0.9	8.69E-17
2	ANXA5	-0.296006	0.249	0.419	5.06E-20
2	OPTN	-0.296139	0.322	0.477	1.10E-17
2	C12orf75	-0.298073	0.115	0.296	6.15E-28
2	TPM3	-0.299120	0.714	0.812	2.68E-16
2	SUB1	-0.300444	0.637	0.737	1.18E-15
2	LIME1	-0.301131	0.681	0.777	1.71E-14
2	RAC2	-0.304199	0.873	0.916	4.44E-15
2	DOK2	-0.306785	0.293	0.445	1.09E-18
2	DUSP1	-0.307129	0.887	0.928	7.26E-10
2	CAPZB	-0.314703	0.512	0.646	1.11E-17
2	CYBA	-0.315553	0.603	0.726	1.08E-16
2	PPP1CA	-0.316526	0.413	0.563	3.90E-19
2	CALM1	-0.318607	0.951	0.976	2.68E-25
2	YWHAB	-0.324879	0.793	0.874	1.52E-20
2	ARPC3	-0.329324	0.716	0.823	2.39E-21
2	MYH9	-0.334448	0.438	0.581	1.17E-16
2	TSC22D3	-0.335459	0.953	0.97	4.24E-15
2	IL10RA	-0.340914	0.52	0.665	1.03E-18
2	CTLA4	-0.343973	0.145	0.319	7.13E-25
2	CNN2	-0.344302	0.552	0.671	1.72E-17
2	ALOX5AP	-0.345057	0.175	0.348	4.70E-26

2	H3F3A	-0.347886	0.815	0.893	1.26E-21
2	CFL1	-0.349988	0.966	0.987	3.74E-30
2	ARID5B	-0.353926	0.552	0.683	1.76E-18
2	ISG20	-0.355403	0.625	0.72	7.37E-18
2	S100A11	-0.355494	0.232	0.418	2.93E-24
2	TNFAIP3	-0.359163	0.648	0.769	5.59E-17
2	PPP1R15A	-0.364262	0.756	0.852	3.07E-18
2	FTH1	-0.367207	1	1	6.11E-45
2	HERPUD1	-0.373724	0.311	0.483	4.17E-24
2	ARPC2	-0.373912	0.637	0.785	3.27E-27
2	SELPLG	-0.376893	0.452	0.602	3.51E-23
2	GSTK1	-0.381390	0.758	0.872	2.04E-28
2	MIR4435-2HG	-0.384481	0.064	0.271	9.76E-44
2	CORO1A	-0.384878	0.892	0.946	3.50E-27
2	HLA-B	-0.387445	1	1	1.95E-74
2	TMSB4X	-0.393820	1	1	9.77E-72
2	TENT5C	-0.395746	0.332	0.54	4.67E-31
2	HLA-DQB1	-0.397720	0.087	0.292	1.14E-43
2	CD99	-0.401424	0.571	0.728	8.30E-30
2	FLNA	-0.404930	0.28	0.476	8.44E-30
2	B2M	-0.408836	1	1	4.62E-112
2	ACTG1	-0.412796	0.98	0.991	1.53E-21
2	RTKN2	-0.413498	0.281	0.422	4.06E-20
2	ARHGDIB	-0.413668	0.978	0.99	2.02E-38
2	VIM	-0.416278	0.95	0.974	2.49E-24
2	UCP2	-0.418816	0.599	0.71	2.73E-18
2	ITGB1	-0.420103	0.404	0.595	4.45E-28
2	HLA-DRB5	-0.425245	0.036	0.257	9.01E-59
2	SYNE2	-0.429152	0.388	0.566	3.24E-27
2	LSP1	-0.438735	0.763	0.868	5.23E-34
2	UBC	-0.439189	0.982	0.998	9.67E-56
2	TAGLN2	-0.440452	0.736	0.845	7.48E-26
2	LMNA	-0.443606	0.108	0.315	2.10E-40
2	GAPDH	-0.446643	0.963	0.987	1.92E-41
2	HLA-C	-0.446976	1	1	5.09E-78
2	IL2RG	-0.449847	0.686	0.825	3.65E-33
2	EMP3	-0.459778	0.746	0.872	1.02E-41
2	AHNAK	-0.462740	0.435	0.601	2.60E-24
2	GBP5	-0.475839	0.32	0.515	4.11E-35
2	S100A6	-0.478920	0.867	0.94	3.55E-37
2	TMSB10	-0.479488	1	1	1.98E-74
2	EZR	-0.482497	0.561	0.743	7.26E-38
2	RGS1	-0.497404	0.416	0.59	1.19E-27
2	KLF6	-0.515955	0.781	0.883	5.13E-34
2	ARPC1B	-0.521830	0.612	0.779	3.06E-44
2	ANXA2	-0.522274	0.24	0.519	4.66E-54

2	PFN1	-0.529633	0.993	0.998	4.96E-71
2	MYL6	-0.539365	0.787	0.904	2.99E-53
2	CLIC1	-0.547637	0.504	0.714	2.09E-49
2	CD52	-0.556246	0.99	0.997	3.07E-69
2	HLA-DRA	-0.556432	0.014	0.243	1.68E-70
2	SRGN	-0.563973	0.671	0.834	9.99E-48
2	COTL1	-0.564771	0.468	0.672	1.68E-46
2	LGALS3	-0.584991	0.109	0.386	3.26E-63
2	CYTOR	-0.608493	0.108	0.425	8.83E-80
2	HLA-A	-0.614649	1	1	1.16E-120
2	ACTB	-0.619918	1	1	1.30E-89
2	SAT1	-0.620086	0.493	0.659	1.91E-36
2	HLA-DPB1	-0.626029	0.124	0.421	4.14E-73
2	S100A10	-0.650126	0.835	0.93	1.62E-61
2	HLA-DPA1	-0.686986	0.117	0.432	1.26E-85
2	SH3BGRL3	-0.697219	0.952	0.987	1.66E-101
2	CRIP1	-0.757751	0.772	0.878	1.65E-51
2	DUSP4	-0.766589	0.079	0.418	3.58E-96
2	PMAIP1	-0.824704	0.19	0.516	4.25E-85
2	LGALS1	-0.839705	0.191	0.472	1.42E-57
2	S100A4	-0.892680	0.93	0.976	3.59E-101
2	IL32	-0.892864	0.982	0.992	5.26E-103
2	HLA-DRB1	-0.937905	0.083	0.449	4.59E-115
2	CD74	-1.351927	0.587	0.832	5.98E-121
3	RTKN2	1.314082	1	0.313	0.00E+00
3	EEF1B2	0.310580	0.999	0.988	4.29E-29
3	TXNIP	0.211656	0.982	0.948	9.65E-04
3	ARPC2	-0.201012	0.721	0.77	9.02E-04
3	GSTK1	-0.202471	0.824	0.86	3.19E-04
3	ISG20	-0.203169	0.629	0.718	8.05E-05
3	GBP5	-0.203468	0.405	0.499	4.14E-03
3	PPP1CA	-0.204460	0.458	0.554	1.80E-05
3	DOK2	-0.207351	0.332	0.437	5.32E-06
3	CD2	-0.209933	0.526	0.621	2.41E-05
3	HERPUD1	-0.215506	0.348	0.474	5.25E-07
3	ARPC3	-0.217937	0.732	0.819	3.33E-08
3	CALM1	-0.218281	0.966	0.973	7.74E-09
3	PSMB9	-0.218434	0.48	0.587	2.05E-06
3	SLC25A5	-0.218649	0.436	0.559	4.99E-07
3	STAT1	-0.222832	0.187	0.289	9.65E-06
3	OAZ1	-0.226648	0.839	0.897	7.10E-09
3	CFL1	-0.227529	0.98	0.984	1.58E-12
3	ALOX5AP	-0.229217	0.218	0.339	2.16E-08
3	IL2RG	-0.233089	0.752	0.812	2.74E-07
3	KLF6	-0.234836	0.812	0.877	2.00E-07
3	AHNAK	-0.240375	0.488	0.59	8.55E-05

3	PSME1	-0.240399	0.744	0.842	2.85E-11
3	ANXA5	-0.241350	0.27	0.412	1.59E-12
3	CNN2	-0.242559	0.581	0.664	1.72E-05
3	ITGB1	-0.245478	0.465	0.582	1.83E-06
3	LIME1	-0.245703	0.73	0.768	1.37E-04
3	EMP3	-0.248982	0.785	0.864	2.68E-10
3	ARHGDIB	-0.251374	0.978	0.99	1.24E-14
3	TNFAIP3	-0.257293	0.688	0.761	2.58E-05
3	H3F3A	-0.258328	0.84	0.888	5.97E-09
3	TAGLN2	-0.261048	0.764	0.839	1.24E-09
3	HLA-B	-0.261503	1	1	5.93E-30
3	CD99	-0.261719	0.599	0.721	1.14E-11
3	B2M	-0.264129	1	1	6.33E-46
3	PPP1R15A	-0.267163	0.748	0.852	4.84E-11
3	TMSB4X	-0.270102	1	1	2.35E-28
3	RAC2	-0.272421	0.858	0.917	1.97E-13
3	FLNA	-0.272954	0.329	0.465	4.19E-11
3	DUSP2	-0.273679	0.369	0.458	7.66E-04
3	VIM	-0.273862	0.954	0.973	1.97E-12
3	GAPDH	-0.277329	0.978	0.984	3.21E-14
3	CYTOR	-0.279171	0.237	0.4	7.41E-13
3	S100A11	-0.281796	0.264	0.41	1.50E-13
3	GMFG	-0.285646	0.732	0.834	7.84E-15
3	DUSP1	-0.287396	0.89	0.927	1.10E-07
3	S100A6	-0.287450	0.911	0.932	7.77E-11
3	CORO1A	-0.290048	0.896	0.944	7.76E-14
3	FTH1	-0.290458	1	1	4.29E-24
3	UBC	-0.293862	0.996	0.996	1.64E-19
3	HLA-DQB1	-0.302840	0.145	0.279	1.65E-14
3	UCP2	-0.305995	0.622	0.704	1.43E-08
3	LGALS3	-0.318276	0.206	0.367	2.10E-16
3	CLIC1	-0.319195	0.591	0.697	6.61E-14
3	HLA-C	-0.327185	1	1	1.73E-33
3	LMNA	-0.329254	0.146	0.305	8.66E-18
3	RGS1	-0.331612	0.439	0.583	1.73E-09
3	HLA-DRB5	-0.333314	0.077	0.247	1.09E-27
3	LSP1	-0.350414	0.783	0.863	7.21E-20
3	ACTG1	-0.351785	0.984	0.991	2.12E-11
3	ARPC1B	-0.356400	0.653	0.77	4.16E-17
3	ANXA2	-0.357397	0.312	0.503	1.47E-23
3	SAT1	-0.358397	0.553	0.647	1.30E-08
3	ZFP36	-0.358419	0.81	0.847	1.50E-05
3	MYL6	-0.360883	0.837	0.895	1.16E-19
3	S100A10	-0.362692	0.883	0.921	8.21E-17
3	TMSB10	-0.365768	0.999	1	2.60E-41
3	CD52	-0.369731	0.995	0.996	3.86E-25

3	PFN1	-0.371601	0.993	0.998	4.76E-33
3	SRGN	-0.373517	0.722	0.824	9.64E-17
3	ACTB	-0.393185	1	1	2.11E-30
3	HLA-A	-0.394679	1	1	2.08E-46
3	SH3BGR13	-0.407082	0.963	0.985	4.29E-35
3	COTL1	-0.415282	0.512	0.662	3.12E-21
3	FOXP3	-0.455198	0.457	0.585	8.70E-22
3	HLA-DRA	-0.461671	0.056	0.232	3.69E-34
3	PMAIP1	-0.510990	0.316	0.492	8.92E-24
3	IL32	-0.516247	0.988	0.991	2.55E-35
3	HLA-DPA1	-0.519202	0.169	0.418	4.25E-42
3	HLA-DPB1	-0.526984	0.167	0.409	1.94E-42
3	S100A4	-0.540976	0.946	0.973	9.40E-35
3	LGALS1	-0.546383	0.314	0.448	4.63E-19
3	CRIP1	-0.559171	0.791	0.873	1.94E-30
3	DUSP4	-0.594077	0.15	0.401	1.00E-45
3	HLA-DRB1	-0.693215	0.183	0.428	1.25E-46
3	CD74	-0.904642	0.668	0.815	5.48E-46
4	CD74	1.944097	0.998	0.777	0.00E+00
4	HLA-DRB1	1.741496	0.942	0.344	0.00E+00
4	HLA-DRA	1.697706	0.917	0.141	0.00E+00
4	HLA-DPA1	1.222271	0.899	0.337	1.90E-207
4	HLA-DPB1	1.128297	0.869	0.33	6.17E-176
4	HLA-DRB5	1.019577	0.682	0.181	1.35E-158
4	HLA-DQB1	0.933509	0.666	0.223	2.15E-123
4	ACTG1	0.857981	0.996	0.989	8.09E-73
4	LGALS1	0.847965	0.676	0.407	4.72E-41
4	DUSP4	0.812596	0.728	0.334	6.49E-67
4	S100A4	0.787234	0.996	0.967	2.05E-98
4	PMAIP1	0.735362	0.728	0.444	9.06E-46
4	UCP2	0.711592	0.869	0.677	1.33E-50
4	COTL1	0.686860	0.815	0.626	1.19E-50
4	IL32	0.670422	0.996	0.99	1.78E-67
4	SAT1	0.668645	0.821	0.617	9.89E-38
4	ARPC1B	0.628200	0.913	0.74	4.49E-55
4	ACTB	0.622740	1	1	1.17E-65
4	MYL6	0.608055	0.962	0.88	7.68E-62
4	TMSB10	0.603247	1	1	7.99E-100
4	CORO1A	0.600711	0.98	0.934	6.67E-59
4	CLIC1	0.599330	0.869	0.666	3.44E-52
4	CYTOR	0.592014	0.674	0.351	6.86E-48
4	PFN1	0.587124	1	0.997	2.18E-81
4	GAPDH	0.584850	0.99	0.983	3.86E-57
4	LSP1	0.573448	0.946	0.844	1.86E-54
4	ZYX	0.554639	0.668	0.434	3.19E-39
4	LIME1	0.546223	0.891	0.751	1.11E-40

4	CD52	0.542789	0.996	0.996	3.87E-63
4	ARHGDIB	0.541079	1	0.987	4.64E-72
4	HLA-DQA1	0.529668	0.344	0.052	1.45E-77
4	HLA-A	0.529494	1	1	6.35E-83
4	CRIP1	0.519528	0.932	0.856	4.81E-25
4	SRGN	0.519512	0.928	0.799	1.89E-36
4	SH3BGRL3	0.519043	0.994	0.981	6.35E-63
4	HLA-DMA	0.516705	0.437	0.116	1.52E-65
4	S100A6	0.506246	0.972	0.925	3.82E-36
4	S100A10	0.505820	0.97	0.911	2.03E-36
4	H3F3A	0.491514	0.95	0.875	2.40E-36
4	SUB1	0.476030	0.887	0.707	3.62E-38
4	HLA-C	0.469486	0.998	1	4.09E-72
4	GBP5	0.466274	0.664	0.47	3.13E-21
4	CNN2	0.465153	0.815	0.638	1.71E-26
4	ANXA2	0.461488	0.7	0.457	5.83E-31
4	IL2RG	0.459846	0.899	0.795	2.29E-30
4	MIR4435-2HG	0.458791	0.471	0.219	4.18E-31
4	PPP1CA	0.457047	0.728	0.524	4.01E-31
4	GBP2	0.456735	0.588	0.344	1.72E-29
4	SELPLG	0.453720	0.763	0.563	3.07E-29
4	ISG20	0.452490	0.841	0.693	3.01E-28
4	CAPZB	0.452020	0.815	0.609	1.76E-31
4	RAC2	0.444590	0.952	0.905	7.16E-28
4	AQP3	0.441706	0.598	0.395	8.57E-22
4	ANXA5	0.440573	0.626	0.372	2.01E-32
4	LAT	0.439986	0.769	0.561	6.33E-29
4	CD27	0.438796	0.807	0.626	9.82E-26
4	ARPC3	0.427111	0.922	0.796	1.31E-34
4	FLNA	0.424863	0.676	0.425	4.52E-27
4	STAT1	0.417363	0.449	0.259	7.32E-18
4	ITGB2	0.415835	0.698	0.504	9.16E-24
4	ITGB1	0.413616	0.716	0.553	1.37E-17
4	CD2	0.412961	0.757	0.595	1.82E-20
4	CFL1	0.410966	0.996	0.983	1.15E-34
4	ALOX5AP	0.410451	0.473	0.309	1.30E-17
4	YWHAB	0.407509	0.934	0.855	1.21E-28
4	NEAT1	0.406514	0.481	0.322	4.36E-13
4	UBE2L6	0.401522	0.543	0.311	9.72E-27
4	TMSB4X	0.401119	1	1	6.04E-54
4	CD99	0.398042	0.841	0.692	5.38E-23
4	ARPC2	0.397064	0.875	0.753	1.22E-21
4	DOK2	0.396762	0.616	0.405	3.43E-22
4	SLC25A5	0.394178	0.696	0.529	6.32E-18
4	LGALS3	0.388603	0.539	0.327	3.28E-17
4	PSMB9	0.388136	0.74	0.557	5.23E-21

4	OAZ1	0.386484	0.97	0.882	1.31E-26
4	TAGLN2	0.385612	0.901	0.823	5.97E-17
4	MYH9	0.378170	0.726	0.544	2.71E-17
4	CD3D	0.375498	0.909	0.857	1.10E-20
4	HLA-B	0.372620	1	1	2.88E-59
4	CTLA4	0.369947	0.481	0.275	4.40E-19
4	PPP1R18	0.369336	0.577	0.377	9.68E-20
4	EMP3	0.367478	0.95	0.845	1.97E-23
4	ARPC5	0.366304	0.531	0.339	6.52E-20
4	MYO1G	0.365305	0.565	0.341	5.31E-22
4	EMB	0.364213	0.588	0.362	1.77E-22
4	ARL4C	0.363570	0.69	0.499	7.42E-16
4	LCP1	0.361508	0.72	0.576	2.35E-14
4	PSMB8	0.360466	0.68	0.494	1.04E-18
4	CAP1	0.355649	0.696	0.529	4.20E-18
4	C12orf75	0.354699	0.491	0.249	1.07E-25
4	TPM4	0.354212	0.402	0.204	1.16E-22
4	RHOG	0.353407	0.718	0.543	9.89E-19
4	GLRX	0.351051	0.533	0.312	1.09E-19
4	TSPO	0.348430	0.718	0.534	4.54E-18
4	B2M	0.347901	1	1	3.12E-72
4	TAP1	0.347742	0.471	0.275	2.32E-20
4	OPTN	0.347072	0.618	0.438	3.31E-17
4	CORO1B	0.345123	0.646	0.485	9.47E-13
4	CALM3	0.344817	0.66	0.482	1.07E-15
4	LCK	0.340528	0.861	0.73	1.91E-17
4	EZR	0.340246	0.853	0.704	7.82E-16
4	GMFG	0.338128	0.899	0.814	1.39E-15
4	LIMD2	0.336829	0.887	0.818	8.27E-12
4	VIM	0.333750	0.99	0.969	1.24E-13
4	HERPUD1	0.332919	0.642	0.44	5.21E-15
4	PRDX1	0.332033	0.626	0.413	1.25E-19
4	BRK1	0.330010	0.545	0.367	4.02E-18
4	CST7	0.329158	0.427	0.25	1.90E-15
4	CD53	0.328825	0.658	0.527	6.12E-13
4	ATP5MG	0.327225	0.952	0.897	9.69E-19
4	VAMP8	0.325321	0.66	0.494	3.10E-16
4	JPT1	0.324520	0.455	0.234	2.30E-22
4	LMNA	0.324014	0.449	0.269	1.52E-11
4	ANXA6	0.322143	0.62	0.457	6.20E-14
4	CARD16	0.321826	0.565	0.387	1.59E-14
4	FAS	0.321005	0.412	0.217	2.40E-20
4	EVI2B	0.319834	0.567	0.409	3.56E-12
4	ATP5F1E	0.319426	0.994	0.968	1.03E-22
4	UBC	0.313635	1	0.995	1.47E-21
4	TNFAIP3	0.313278	0.839	0.743	2.24E-08

4	SUMO2	0.311227	0.907	0.809	2.51E-17
4	S1PR4	0.310804	0.41	0.223	2.12E-17
4	PGAM1	0.309504	0.551	0.341	3.10E-19
4	WDR1	0.307799	0.586	0.418	3.38E-14
4	SLC25A3	0.307079	0.73	0.557	5.23E-14
4	CYBA	0.306601	0.807	0.699	1.89E-11
4	DBI	0.306158	0.596	0.424	5.03E-15
4	ARPC4	0.303822	0.654	0.521	1.94E-11
4	PPM1G	0.302460	0.569	0.378	1.20E-15
4	CTSC	0.302267	0.469	0.28	5.02E-15
4	TPM3	0.301630	0.903	0.787	4.59E-16
4	HIST1H1E	0.301341	0.342	0.252	6.33E-04
4	CXCR3	0.300017	0.316	0.147	7.19E-17
4	RNASEK	0.299033	0.813	0.694	1.51E-12
4	ANXA11	0.297873	0.708	0.535	6.62E-14
4	CCR10	0.296690	0.195	0.057	4.08E-22
4	TRAPPC1	0.296061	0.573	0.403	5.02E-14
4	PTPRCAP	0.294604	0.66	0.516	9.79E-11
4	CSK	0.293147	0.545	0.367	2.54E-14
4	ARL6IP1	0.292619	0.624	0.454	1.57E-12
4	TXN	0.292142	0.596	0.386	3.49E-16
4	COX6B1	0.291829	0.839	0.741	9.12E-12
4	ATP5MF	0.290144	0.652	0.452	9.00E-16
4	GSTK1	0.289606	0.907	0.85	3.68E-10
4	ITGB7	0.288086	0.487	0.29	2.24E-15
4	TNFRSF1B	0.287792	0.561	0.398	1.14E-11
4	SASH3	0.287380	0.404	0.223	5.97E-17
4	CALCOCO2	0.287250	0.437	0.254	2.74E-16
4	SKAP1	0.287160	0.692	0.538	1.14E-11
4	GYPC	0.286464	0.7	0.528	6.29E-12
4	H2AFV	0.284984	0.555	0.357	3.94E-15
4	SGMS1	0.284228	0.348	0.149	5.13E-22
4	SYNE2	0.283312	0.652	0.53	1.06E-07
4	COX5A	0.282886	0.62	0.434	2.40E-14
4	TTN	0.282702	0.406	0.238	4.79E-10
4	VAMP5	0.281953	0.447	0.273	4.51E-14
4	HIGD2A	0.281941	0.746	0.605	6.39E-11
4	SEC61B	0.281587	0.648	0.458	6.01E-14
4	C9orf16	0.280810	0.686	0.526	1.68E-11
4	S100A11	0.280798	0.541	0.377	4.63E-10
4	TBC1D10C	0.280003	0.632	0.474	2.64E-11
4	PARK7	0.279656	0.688	0.533	4.06E-12
4	CD5	0.277404	0.575	0.41	4.06E-10
4	GABARAP	0.277350	0.803	0.686	1.87E-10
4	ATP5F1A	0.277000	0.626	0.472	4.23E-11
4	TWF2	0.276519	0.427	0.258	1.18E-14

4	CKLF	0.276443	0.513	0.35	1.14E-11
4	ELOB	0.276263	0.813	0.668	1.38E-13
4	NDUFA13	0.275080	0.765	0.614	1.54E-12
4	CD82	0.274462	0.384	0.212	2.29E-14
4	EVL	0.273921	0.932	0.858	3.37E-12
4	LAPTM5	0.272789	0.938	0.891	5.40E-11
4	WAS	0.272021	0.569	0.411	2.37E-11
4	ATP6V0E1	0.270925	0.636	0.445	1.02E-13
4	BIN1	0.270765	0.618	0.439	2.10E-12
4	TENT5C	0.270125	0.624	0.498	2.99E-07
4	AHNAK	0.269928	0.698	0.565	5.36E-06
4	UFC1	0.268582	0.634	0.468	6.06E-12
4	SPOCK2	0.268483	0.712	0.607	3.37E-07
4	LRRFIP1	0.266348	0.62	0.448	6.56E-10
4	MSN	0.266094	0.533	0.368	1.17E-10
4	COPS9	0.264653	0.561	0.385	2.12E-12
4	GBP4	0.263647	0.322	0.157	1.52E-14
4	TLE5	0.262695	0.897	0.85	1.57E-07
4	REEP5	0.262640	0.447	0.265	4.92E-14
4	ATP5MC3	0.262416	0.632	0.496	1.12E-09
4	YWHAZ	0.262369	0.944	0.864	4.50E-12
4	EIF3A	0.260631	0.604	0.459	4.45E-09
4	ALDOA	0.260346	0.781	0.644	7.79E-10
4	ATP5PB	0.259851	0.581	0.405	1.96E-11
4	PSME1	0.258764	0.903	0.823	7.29E-10
4	SIT1	0.258307	0.406	0.262	5.74E-11
4	RNF213	0.258092	0.521	0.352	1.26E-09
4	GUK1	0.257534	0.71	0.553	1.75E-10
4	TERF2IP	0.256654	0.586	0.418	5.24E-11
4	TGFB1	0.256627	0.425	0.269	2.58E-11
4	GNAI2	0.255928	0.443	0.279	1.94E-11
4	LY6E	0.255206	0.696	0.56	2.64E-06
4	ATP5F1B	0.254956	0.67	0.537	4.46E-09
4	RHOF	0.254702	0.457	0.316	1.90E-09
4	HCLS1	0.254341	0.807	0.698	5.80E-09
4	BLOC1S1	0.253860	0.501	0.328	3.53E-11
4	HSPA8	0.253128	0.962	0.955	6.46E-07
4	DYNLL1	0.253040	0.485	0.358	2.38E-07
4	AP2S1	0.250911	0.364	0.191	1.15E-15
4	C17orf49	0.250905	0.396	0.246	4.36E-10
4	UBL5	0.250884	0.771	0.619	2.56E-10
4	NIBAN1	0.250648	0.39	0.225	9.53E-12
4	C4orf48	0.249720	0.372	0.204	1.83E-12
4	MAP1LC3B	0.248744	0.565	0.394	2.14E-10
4	MYL12B	0.248508	0.853	0.76	1.07E-09
4	MAN1A2	0.248439	0.416	0.249	9.77E-12

4	RALY	0.248387	0.583	0.403	2.03E-11
4	ARL6IP5	0.247852	0.759	0.653	3.72E-07
4	RGS10	0.247616	0.594	0.462	2.17E-07
4	ICAM3	0.247095	0.751	0.589	2.93E-10
4	ISG15	0.246872	0.36	0.235	8.99E-06
4	COX8A	0.246444	0.734	0.618	4.09E-08
4	HIST1H1C	0.245294	0.292	0.154	4.06E-10
4	CTSA	0.245065	0.344	0.234	1.56E-06
4	TCEA1	0.244915	0.608	0.479	1.05E-07
4	ACTR2	0.244635	0.567	0.426	2.53E-08
4	OTUB1	0.244092	0.547	0.386	1.73E-10
4	BIN2	0.244034	0.676	0.549	1.84E-07
4	ACTN4	0.243402	0.376	0.232	1.27E-09
4	COPE	0.243065	0.583	0.412	4.94E-10
4	ATP2B1	0.242738	0.421	0.277	1.58E-08
4	IGBP1	0.242510	0.515	0.375	1.41E-08
4	GBP1	0.240495	0.282	0.152	2.17E-09
4	CAPN2	0.240333	0.521	0.363	2.53E-09
4	YWHAQ	0.239385	0.573	0.395	3.85E-10
4	PTRHD1	0.237506	0.35	0.189	1.88E-12
4	AKAP13	0.236634	0.505	0.347	1.89E-08
4	CLEC2B	0.236334	0.479	0.34	1.94E-06
4	RAB37	0.236290	0.304	0.141	4.92E-15
4	BAX	0.235986	0.461	0.337	1.98E-05
4	PBXIP1	0.235285	0.712	0.564	1.99E-07
4	ARID5B	0.234783	0.765	0.654	6.38E-06
4	SERF2	0.234477	0.974	0.954	3.01E-09
4	CFLAR	0.234332	0.515	0.352	4.35E-09
4	PSMB3	0.231710	0.583	0.438	2.32E-08
4	ATP6V0E2	0.230602	0.427	0.263	4.78E-11
4	ELOVL5	0.230540	0.455	0.314	6.41E-08
4	PSMA5	0.230038	0.421	0.278	4.31E-09
4	WIPF1	0.229709	0.624	0.483	2.09E-07
4	CLDND1	0.229635	0.503	0.374	4.22E-06
4	TRIR	0.229587	0.771	0.681	2.15E-06
4	POLD4	0.229361	0.503	0.36	1.23E-07
4	PARP1	0.228890	0.384	0.241	2.41E-09
4	TNFRSF14	0.228838	0.6	0.456	2.35E-07
4	NPDC1	0.228367	0.27	0.142	1.59E-10
4	HLA-F	0.228338	0.622	0.49	3.63E-06
4	PSMA2	0.227462	0.511	0.356	2.53E-09
4	HMGB2	0.227173	0.529	0.41	1.71E-04
4	SEC11C	0.226801	0.433	0.284	6.41E-10
4	CCNDBP1	0.226265	0.435	0.282	1.64E-09
4	SAMD3	0.225152	0.213	0.075	1.92E-17
4	ATP5F1C	0.224862	0.517	0.394	1.03E-06

4	LINC00426	0.224748	0.284	0.149	3.67E-11
4	HPGD	0.224645	0.207	0.094	1.65E-09
4	UBL3	0.224378	0.362	0.217	3.40E-09
4	SQOR	0.224213	0.302	0.145	3.52E-14
4	GNG5	0.223990	0.561	0.413	7.49E-08
4	PRDM1	0.223937	0.406	0.242	2.84E-08
4	PYCARD	0.223248	0.308	0.172	8.93E-11
4	SRP14	0.222106	0.907	0.881	8.59E-07
4	ATRX	0.221951	0.583	0.417	1.15E-07
4	OCIAD2	0.221806	0.606	0.473	7.72E-07
4	HMGB1	0.221352	0.905	0.846	1.42E-06
4	ABRACL	0.221087	0.414	0.276	1.07E-07
4	PKM	0.220826	0.765	0.613	2.63E-08
4	CD70	0.220146	0.157	0.056	7.61E-11
4	COX7B	0.220121	0.565	0.424	3.73E-07
4	CASP4	0.219351	0.406	0.27	2.51E-07
4	TAP2	0.219248	0.451	0.309	3.60E-07
4	OGDH	0.218540	0.388	0.24	9.05E-09
4	RAB11A	0.217316	0.376	0.216	1.02E-10
4	PSMB1	0.217176	0.69	0.551	6.72E-08
4	FYB1	0.216873	0.875	0.813	1.50E-03
4	UQCRFS1	0.216702	0.616	0.475	2.38E-07
4	FKBP1A	0.215109	0.479	0.353	1.41E-06
4	DRAP1	0.215107	0.557	0.402	2.60E-07
4	NDUFB8	0.215002	0.666	0.539	2.05E-06
4	TMEM173	0.214889	0.449	0.289	1.25E-08
4	ACTR3	0.214524	0.612	0.491	7.09E-05
4	CTSD	0.214388	0.449	0.309	1.05E-07
4	GALM	0.214321	0.284	0.138	4.27E-12
4	OSTF1	0.214291	0.417	0.3	5.58E-06
4	RIOK3	0.214131	0.394	0.253	5.73E-08
4	PDE4B	0.213839	0.431	0.295	9.79E-06
4	COX7A2	0.213563	0.801	0.673	1.74E-07
4	CD3G	0.213499	0.787	0.675	3.43E-05
4	MPG	0.213452	0.348	0.205	6.57E-10
4	SLC9A3R1	0.212942	0.557	0.419	8.01E-06
4	SPTAN1	0.212928	0.473	0.348	7.57E-05
4	ATP6V0B	0.212802	0.427	0.28	1.18E-08
4	RHBDD2	0.212665	0.459	0.326	7.36E-07
4	EID1	0.212625	0.75	0.618	2.00E-06
4	CCR6	0.212459	0.31	0.213	1.44E-03
4	SQSTM1	0.212389	0.559	0.449	1.28E-04
4	RAB5IF	0.211647	0.346	0.21	4.22E-09
4	NDUFB4	0.211509	0.604	0.447	3.13E-07
4	PSMB2	0.211386	0.364	0.219	3.57E-09
4	ENO1	0.211277	0.65	0.568	1.24E-03

4	TAX1BP1	0.210723	0.61	0.464	6.28E-07
4	APOBEC3C	0.210657	0.252	0.099	9.81E-16
4	PI16	0.210259	0.26	0.134	1.84E-09
4	CCDC167	0.209790	0.392	0.232	4.40E-09
4	DUSP10	0.209578	0.372	0.219	3.37E-08
4	NEDD8	0.209484	0.586	0.454	3.28E-06
4	PSMD8	0.209454	0.523	0.393	2.25E-06
4	SH3BGR1	0.208947	0.581	0.456	2.28E-05
4	TTC39C	0.208835	0.6	0.476	1.62E-04
4	APOBEC3G	0.208416	0.254	0.108	1.42E-14
4	ATP5MC2	0.207847	0.96	0.922	5.96E-08
4	CTSS	0.207841	0.423	0.272	4.21E-08
4	UBE2D2	0.207555	0.746	0.667	1.67E-04
4	CPNE1	0.207428	0.372	0.237	3.03E-07
4	TALDO1	0.207028	0.473	0.316	3.76E-08
4	CASP8	0.206607	0.4	0.262	8.81E-07
4	TMEM258	0.206150	0.608	0.495	7.16E-05
4	RNF167	0.205805	0.427	0.298	9.28E-07
4	NCF4	0.205490	0.36	0.233	3.78E-07
4	DCP2	0.204744	0.338	0.2	1.43E-08
4	RHOA	0.204688	0.873	0.828	1.16E-03
4	SCAND1	0.204537	0.69	0.562	2.01E-05
4	ATP5IF1	0.204455	0.68	0.582	4.67E-04
4	PSMB4	0.204419	0.386	0.24	4.29E-08
4	EPSTI1	0.204225	0.221	0.103	2.82E-10
4	TBCB	0.204168	0.507	0.352	1.84E-07
4	MCL1	0.204118	0.511	0.385	5.56E-04
4	ITM2A	0.204081	0.417	0.316	1.13E-03
4	NDUFA1	0.204046	0.714	0.57	1.31E-06
4	PPP4C	0.202691	0.435	0.289	5.14E-08
4	SAMHD1	0.202496	0.716	0.608	1.30E-03
4	AP1S2	0.202133	0.322	0.173	5.70E-10
4	SYNGR2	0.201951	0.459	0.333	6.48E-06
4	SRPK2	0.201784	0.352	0.226	5.50E-07
4	PEL1	0.201543	0.481	0.374	8.88E-04
4	TMEM9B	0.201379	0.34	0.207	2.44E-08
4	GTF3C6	0.201168	0.402	0.245	2.33E-09
4	HPRT1	0.201111	0.306	0.198	1.12E-06
4	BATF	0.201014	0.366	0.254	7.56E-05
4	RILPL2	0.200935	0.36	0.231	1.30E-06
4	FTH1	0.200450	1	1	1.42E-08
4	PPIB	0.200283	0.761	0.678	5.58E-04
4	TRAF3IP3	0.200154	0.728	0.628	4.13E-04
4	NDUFA6	0.200110	0.513	0.385	9.48E-06
4	SEPTIN6	0.200105	0.734	0.653	1.58E-03
4	MALAT1	-0.204347	0.998	1	3.99E-04

4	EGR1	-0.204430	0.04	0.12	2.40E-06
4	GIMAP7	-0.204859	0.272	0.382	3.70E-03
4	FUS	-0.205028	0.63	0.718	2.09E-03
4	PTGER2	-0.211210	0.107	0.23	3.92E-08
4	SNHG29	-0.211855	0.791	0.86	7.91E-05
4	FOSB	-0.223343	0.29	0.392	6.84E-04
4	EEF1G	-0.225520	0.984	0.991	2.74E-10
4	PABPC1	-0.233002	0.956	0.984	2.21E-09
4	SNHG6	-0.237592	0.72	0.795	1.33E-04
4	FAU	-0.247838	1	1	3.62E-30
4	ZFAS1	-0.249573	0.618	0.72	6.78E-06
4	PFDN5	-0.278458	0.97	0.987	1.15E-14
4	GAS5	-0.281269	0.757	0.845	1.30E-07
4	PRKCQ-AS1	-0.284934	0.189	0.321	4.55E-09
4	DUSP1	-0.314896	0.889	0.926	2.19E-07
4	HSP90AB1	-0.317329	0.785	0.882	2.10E-13
4	EEF1A1	-0.317712	1	1	2.01E-56
4	IER2	-0.323562	0.674	0.725	2.14E-03
4	TCF7	-0.338333	0.103	0.286	1.65E-18
4	JUNB	-0.342221	0.952	0.99	1.40E-11
4	ZFP36L2	-0.355881	0.789	0.909	8.78E-14
4	IL7R	-0.362133	0.489	0.686	2.09E-14
4	FOS	-0.393493	0.815	0.894	1.42E-09
4	C12orf57	-0.401844	0.763	0.868	2.03E-18
4	IFITM1	-0.485441	0.738	0.911	1.69E-32
4	TXNIP	-0.575934	0.845	0.963	2.26E-42
4	JUN	-0.611908	0.839	0.912	4.77E-17
4	EEF1B2	-0.653302	0.942	0.993	6.42E-73
5	EEF1B2	0.424054	1	0.988	4.77E-50
5	JUN	0.397416	0.96	0.9	2.68E-14
5	TCF7	0.352691	0.473	0.252	9.13E-17
5	C12orf57	0.332218	0.927	0.852	6.94E-13
5	IL7R	0.309510	0.751	0.661	4.06E-07
5	SNHG6	0.288052	0.856	0.782	3.33E-08
5	IFITM1	0.286678	0.977	0.888	6.32E-16
5	GAS5	0.280564	0.908	0.831	4.04E-11
5	ZFAS1	0.265901	0.795	0.704	1.65E-06
5	NFKBIA	0.265639	0.847	0.733	7.82E-06
5	EEF1A1	0.256285	1	1	1.78E-56
5	PABPC1	0.252246	0.996	0.98	1.37E-13
5	ZFP36L2	0.250809	0.916	0.897	5.11E-04
5	EEF1G	0.248573	1	0.989	5.27E-15
5	TOMM7	0.248374	0.99	0.966	2.75E-11
5	SNHG29	0.244968	0.914	0.848	4.22E-09
5	TUBA1A	0.238120	0.659	0.554	1.16E-03
5	FOSB	0.231006	0.504	0.372	2.18E-03

5	TIGIT	0.229597	0.519	0.405	8.96E-05
5	TXNIP	0.228305	0.967	0.951	3.00E-06
5	NPM1	0.216555	0.979	0.973	1.30E-06
5	CCR7	0.207234	0.362	0.229	1.43E-05
5	COPE	-0.200106	0.312	0.437	8.68E-05
5	TCEA1	-0.200231	0.393	0.499	5.47E-03
5	AKAP13	-0.201264	0.262	0.37	4.24E-04
5	PAK2	-0.201401	0.36	0.47	5.17E-04
5	SH3KBP1	-0.201868	0.28	0.408	4.20E-04
5	RAD21	-0.201920	0.414	0.522	1.93E-03
5	HMGB1	-0.202167	0.795	0.856	3.97E-03
5	TNFRSF1B	-0.203214	0.322	0.421	7.85E-03
5	CCR6	-0.204433	0.111	0.231	2.62E-05
5	HLA-DMA	-0.204568	0.038	0.154	8.96E-13
5	SUMO2	-0.204740	0.753	0.823	1.64E-03
5	FAS	-0.206303	0.119	0.245	1.25E-07
5	ANXA6	-0.207621	0.393	0.478	1.26E-02
5	GLIPR2	-0.208516	0.086	0.22	1.69E-09
5	TRAPPC1	-0.208817	0.297	0.429	1.03E-04
5	ITGB7	-0.209765	0.199	0.317	2.26E-05
5	CD3D	-0.210225	0.826	0.865	1.45E-02
5	C9orf16	-0.210240	0.456	0.548	8.84E-03
5	CAPN2	-0.210774	0.27	0.386	6.72E-05
5	PSMA7	-0.212308	0.487	0.605	3.61E-04
5	PRDX1	-0.212437	0.308	0.443	2.84E-05
5	SQSTM1	-0.214641	0.372	0.467	4.61E-03
5	LAT	-0.216304	0.506	0.586	1.42E-02
5	RHOA	-0.216956	0.78	0.837	1.41E-03
5	GLIPR1	-0.217521	0.157	0.295	1.22E-06
5	BIN2	-0.217765	0.464	0.569	2.78E-03
5	CD99	-0.219054	0.63	0.712	1.69E-02
5	TGFB1	-0.219248	0.159	0.294	9.31E-08
5	GMFG	-0.219582	0.772	0.826	5.14E-03
5	PSMB6	-0.220325	0.238	0.379	2.47E-07
5	GLRX	-0.221466	0.22	0.342	6.26E-05
5	BIN1	-0.222066	0.341	0.465	6.59E-05
5	PPP2R5C	-0.222547	0.333	0.42	1.53E-02
5	STAT1	-0.222761	0.169	0.286	4.03E-05
5	H2AFV	-0.222980	0.241	0.386	1.30E-06
5	PI16	-0.223085	0.025	0.156	2.22E-15
5	TSPO	-0.223776	0.421	0.562	2.29E-05
5	DDX5	-0.225129	0.939	0.969	3.58E-05
5	PDE4B	-0.225204	0.199	0.316	5.77E-06
5	CAST	-0.225406	0.341	0.454	5.41E-03
5	SEPTIN6	-0.229484	0.579	0.667	4.06E-02
5	ARL4C	-0.230116	0.439	0.522	5.30E-03

5	ACTN4	-0.230272	0.115	0.257	4.18E-10
5	SAMHD1	-0.231138	0.536	0.625	1.26E-02
5	SLC9A3R1	-0.231983	0.322	0.441	1.88E-05
5	SEC61B	-0.234131	0.36	0.485	1.12E-05
5	PSMB3	-0.234888	0.305	0.464	9.57E-08
5	ARPC4	-0.235267	0.416	0.544	3.62E-06
5	PBXIP1	-0.236409	0.479	0.585	5.55E-04
5	VAMP8	-0.236778	0.391	0.52	1.56E-05
5	CD5	-0.237244	0.31	0.435	2.43E-05
5	WIPF1	-0.240484	0.379	0.506	1.17E-05
5	SERF2	-0.240515	0.923	0.959	8.38E-07
5	BATF	-0.240855	0.132	0.276	5.55E-09
5	CTSC	-0.240905	0.163	0.309	4.14E-09
5	TTC39C	-0.240989	0.385	0.496	2.29E-04
5	SPTAN1	-0.241588	0.245	0.37	8.10E-07
5	TBC1D10C	-0.241870	0.347	0.5	3.45E-08
5	HLA-E	-0.242215	0.99	0.995	1.98E-11
5	NEAT1	-0.242655	0.253	0.343	1.13E-02
5	CD2	-0.245787	0.531	0.616	1.44E-03
5	GATA3	-0.248076	0.213	0.334	3.93E-05
5	OPTN	-0.249615	0.335	0.465	5.03E-06
5	LCK	-0.251216	0.651	0.75	1.22E-05
5	DBI	-0.252112	0.308	0.451	3.73E-08
5	CKLF	-0.253783	0.23	0.377	1.94E-08
5	HCLS1	-0.254326	0.621	0.716	8.30E-05
5	CALM1	-0.257730	0.941	0.975	5.48E-09
5	SLFN5	-0.258591	0.285	0.409	1.15E-06
5	ARID5B	-0.259308	0.569	0.672	4.93E-04
5	TXN	-0.259762	0.253	0.418	1.20E-08
5	CD53	-0.259919	0.41	0.55	3.65E-07
5	JPT1	-0.261926	0.1	0.268	7.18E-15
5	ITGB1	-0.262807	0.481	0.575	5.31E-04
5	PSMB9	-0.264047	0.46	0.584	3.35E-07
5	GBP2	-0.267069	0.247	0.376	1.62E-07
5	TLE5	-0.267943	0.799	0.859	7.75E-06
5	PRDM1	-0.268452	0.123	0.268	1.53E-09
5	CAP1	-0.269192	0.414	0.555	1.05E-07
5	HLA-B	-0.269621	1	1	6.78E-18
5	PPP1R18	-0.271266	0.251	0.407	1.57E-09
5	ANXA11	-0.271407	0.423	0.562	3.36E-07
5	ANXA5	-0.272042	0.255	0.407	3.70E-08
5	CNN2	-0.272335	0.546	0.663	2.87E-06
5	TPM3	-0.276760	0.741	0.803	9.50E-06
5	LRRFIP1	-0.277656	0.318	0.477	1.46E-08
5	MYO1G	-0.277867	0.222	0.373	1.87E-09
5	ITGB2	-0.278356	0.402	0.532	5.39E-07

5	IL2RA	-0.279695	0.157	0.296	7.54E-09
5	EMB	-0.281768	0.232	0.395	1.27E-09
5	IL10RA	-0.286567	0.521	0.656	4.70E-07
5	C12orf75	-0.288170	0.121	0.284	3.75E-13
5	EVL	-0.288929	0.799	0.871	1.22E-08
5	CAPZB	-0.291294	0.527	0.636	7.57E-07
5	SKAP1	-0.295191	0.416	0.564	4.20E-09
5	NIBAN1	-0.295860	0.075	0.254	1.30E-19
5	TMSB4X	-0.296866	1	1	8.65E-22
5	CARD16	-0.297614	0.249	0.416	1.42E-10
5	CYBA	-0.298136	0.603	0.718	1.15E-06
5	ALOX5AP	-0.299550	0.18	0.336	2.64E-11
5	CST7	-0.304295	0.111	0.28	6.19E-15
5	CTLA4	-0.306600	0.159	0.306	1.89E-09
5	ARPC2	-0.308151	0.665	0.772	2.06E-09
5	S100A11	-0.308514	0.259	0.403	2.88E-08
5	GSTK1	-0.309825	0.764	0.864	1.00E-09
5	ZYX	-0.312725	0.31	0.468	1.70E-09
5	ISG20	-0.317704	0.596	0.716	9.76E-09
5	SUB1	-0.319201	0.607	0.733	4.14E-11
5	OAZ1	-0.320761	0.841	0.894	8.60E-10
5	RHOG	-0.321485	0.391	0.573	5.62E-13
5	HLA-C	-0.324208	1	1	3.38E-22
5	PPP1CA	-0.325194	0.397	0.555	2.47E-11
5	MALAT1	-0.329283	1	1	5.16E-03
5	SRGN	-0.331034	0.732	0.818	1.07E-07
5	LCP1	-0.337053	0.458	0.601	1.14E-09
5	B2M	-0.337959	1	1	6.89E-38
5	CFL1	-0.339029	0.96	0.986	8.00E-18
5	LIME1	-0.346122	0.657	0.773	7.05E-11
5	MYH9	-0.347625	0.45	0.57	7.99E-09
5	UBC	-0.349938	0.992	0.996	2.18E-19
5	TENT5C	-0.350871	0.366	0.522	3.03E-12
5	SYNE2	-0.360589	0.383	0.555	2.34E-11
5	HLA-DQB1	-0.362850	0.098	0.277	6.14E-22
5	DOK2	-0.363607	0.255	0.438	2.58E-16
5	ACTG1	-0.369983	0.987	0.99	5.28E-08
5	HERPUD1	-0.370919	0.295	0.473	5.18E-14
5	YWHAB	-0.372472	0.747	0.873	9.38E-16
5	SELPLG	-0.374414	0.441	0.593	1.19E-12
5	ARPC3	-0.374461	0.707	0.817	1.48E-14
5	CORO1A	-0.376279	0.902	0.941	5.26E-13
5	H3F3A	-0.382619	0.791	0.89	1.29E-16
5	EMP3	-0.385600	0.791	0.86	3.73E-12
5	GAPDH	-0.389571	0.969	0.985	1.03E-15
5	FLNA	-0.396045	0.276	0.463	1.35E-15

5	MIR4435-2HG	-0.400691	0.052	0.258	6.21E-28
5	IL2RG	-0.409386	0.703	0.814	1.40E-13
5	RAC2	-0.409589	0.839	0.916	3.99E-18
5	COTL1	-0.416159	0.513	0.654	1.23E-13
5	AHNAK	-0.416262	0.483	0.585	1.80E-08
5	HLA-DRB5	-0.420160	0.021	0.244	2.38E-37
5	TMSB10	-0.426041	1	1	1.34E-31
5	ARHGDIB	-0.433047	0.973	0.99	1.99E-24
5	EZR	-0.433675	0.577	0.729	4.98E-17
5	VIM	-0.440626	0.939	0.974	6.07E-15
5	TAGLN2	-0.456458	0.753	0.836	2.18E-11
5	GBP5	-0.460113	0.278	0.506	1.38E-23
5	LMNA	-0.479733	0.082	0.303	4.52E-30
5	SAT1	-0.491781	0.51	0.647	5.23E-13
5	MYL6	-0.495887	0.772	0.898	2.17E-26
5	S100A6	-0.496355	0.891	0.933	9.14E-19
5	CLIC1	-0.501981	0.506	0.7	2.84E-23
5	CD52	-0.502672	0.994	0.996	6.98E-31
5	ARPC1B	-0.505200	0.607	0.768	1.02E-22
5	UCP2	-0.509676	0.519	0.71	1.70E-19
5	LSP1	-0.513803	0.72	0.865	1.46E-26
5	ANXA2	-0.535603	0.236	0.5	2.05E-31
5	HLA-DRA	-0.542778	0.006	0.228	1.14E-43
5	HLA-A	-0.559844	1	1	9.70E-52
5	ACTB	-0.566303	1	1	3.75E-43
5	HLA-DPB1	-0.571963	0.136	0.399	1.36E-35
5	LGALS3	-0.575843	0.103	0.368	1.71E-35
5	PFN1	-0.577225	0.994	0.998	7.10E-47
5	RTKN2	-0.588981	0.174	0.422	9.03E-31
5	CYTOR	-0.593419	0.1	0.404	6.26E-46
5	SH3BGRL3	-0.600361	0.956	0.985	2.12E-38
5	PMAIP1	-0.616365	0.278	0.486	7.29E-23
5	S100A10	-0.637582	0.839	0.923	1.75E-31
5	HLA-DPA1	-0.655055	0.105	0.412	1.90E-47
5	DUSP4	-0.721353	0.092	0.394	4.00E-49
5	CRIP1	-0.796680	0.741	0.874	1.18E-31
5	LGALS1	-0.812664	0.167	0.455	2.44E-31
5	HLA-DRB1	-0.910502	0.067	0.426	3.70E-67
5	IL32	-0.949286	0.956	0.994	1.96E-74
5	S100A4	-0.960884	0.918	0.974	9.14E-61
5	FOXP3	-1.093146	0.054	0.615	2.06E-140
5	CD74	-1.329103	0.571	0.816	1.46E-67
6	FOXP3	1.495450	1	0.529	0.00E+00
6	IL32	0.608656	0.998	0.99	5.56E-58
6	LGALS3	0.513589	0.553	0.327	1.06E-23
6	CD74	0.466375	0.911	0.786	5.99E-21

6	CTLA4	0.372817	0.441	0.28	4.59E-13
6	HLA-A	0.366433	1	1	9.36E-37
6	GBP5	0.358007	0.672	0.47	4.33E-15
6	MIR4435-2HG	0.356599	0.436	0.223	6.80E-18
6	CRIP1	0.348150	0.9	0.859	1.43E-06
6	ARHGDIB	0.344174	1	0.987	1.64E-27
6	S100A4	0.338997	0.996	0.967	2.44E-20
6	CYTOR	0.336819	0.576	0.361	1.32E-14
6	ARPC1B	0.335453	0.864	0.745	3.40E-14
6	PMAIP1	0.324647	0.629	0.455	2.45E-08
6	IL2RA	0.321997	0.409	0.273	9.89E-10
6	LSP1	0.319566	0.917	0.847	1.55E-12
6	TTC39C	0.316933	0.621	0.475	5.00E-10
6	S100A10	0.313467	0.966	0.911	1.79E-13
6	UBC	0.311786	0.998	0.995	7.26E-23
6	UCP2	0.307208	0.811	0.683	1.22E-07
6	SH3BGRL3	0.304444	1	0.981	1.06E-21
6	ISG20	0.302370	0.805	0.697	3.17E-09
6	LGALS1	0.302369	0.574	0.418	3.50E-04
6	TENT5C	0.301129	0.629	0.499	2.03E-08
6	ACTB	0.300201	1	1	3.47E-19
6	IL2RG	0.292570	0.869	0.799	7.54E-08
6	HERPUD1	0.290397	0.583	0.447	1.09E-07
6	CLIC1	0.282195	0.794	0.673	5.60E-09
6	PFN1	0.281835	1	0.997	7.44E-19
6	TMSB10	0.280975	1	1	3.75E-22
6	TNFRSF1B	0.267855	0.536	0.401	8.13E-08
6	IL10RA	0.266976	0.731	0.637	2.06E-06
6	EZR	0.260341	0.782	0.711	1.87E-05
6	CTSC	0.259924	0.445	0.284	3.56E-10
6	SRGN	0.256692	0.894	0.803	2.07E-06
6	LMNA	0.256200	0.405	0.274	1.01E-05
6	FCMR	0.254886	0.775	0.699	1.50E-05
6	TSC22D3	0.251648	0.983	0.967	4.07E-05
6	HLA-DPB1	0.250136	0.53	0.364	2.22E-06
6	SELPLG	0.244831	0.68	0.572	2.81E-05
6	DUSP4	0.239556	0.536	0.354	1.10E-06
6	COTL1	0.238733	0.746	0.633	7.51E-06
6	BATF	0.238030	0.39	0.252	2.78E-07
6	H3F3A	0.237209	0.924	0.878	2.70E-05
6	B2M	0.236273	1	1	8.85E-31
6	LAPTM5	0.234894	0.922	0.893	6.29E-05
6	ANXA2	0.233859	0.61	0.466	1.46E-05
6	CARD16	0.232439	0.498	0.394	7.88E-04
6	CD52	0.232155	0.998	0.995	7.16E-11
6	DOK2	0.229304	0.542	0.413	1.62E-05

6	KLF6	0.225542	0.924	0.863	2.61E-02
6	ARID5B	0.225268	0.748	0.656	3.62E-03
6	SUMO2	0.219984	0.881	0.812	5.50E-06
6	HLA-B	0.216518	1	1	3.95E-16
6	PPM1G	0.216294	0.519	0.384	8.86E-06
6	REEP5	0.211771	0.407	0.27	1.33E-06
6	TNFRSF18	0.211750	0.214	0.107	1.02E-07
6	HPGD	0.210354	0.195	0.095	2.58E-06
6	RAC2	0.210149	0.932	0.908	4.92E-05
6	GBP2	0.209788	0.443	0.359	9.00E-03
6	C9orf16	0.207268	0.627	0.532	2.42E-03
6	MYL6	0.206887	0.926	0.884	7.41E-05
6	ARPC3	0.206661	0.883	0.801	2.67E-06
6	GNB2	0.206524	0.519	0.409	2.97E-04
6	VIM	0.205911	0.979	0.97	3.31E-03
6	CD99	0.204938	0.773	0.699	8.40E-03
6	SKAP1	0.204540	0.648	0.543	9.77E-04
6	S100A6	0.203349	0.96	0.926	4.91E-04
6	PPP1CA	0.202861	0.665	0.53	1.26E-04
6	OAZ1	0.202308	0.943	0.885	8.59E-05
6	PABPC1	-0.204269	0.977	0.982	6.25E-04
6	GAS5	-0.209896	0.78	0.843	1.33E-02
6	GIMAP7	-0.212893	0.261	0.382	2.19E-04
6	C12orf57	-0.227360	0.809	0.863	1.51E-02
6	ZFAS1	-0.230957	0.642	0.717	6.64E-03
6	ANXA1	-0.246385	0.138	0.231	2.93E-03
6	IFITM1	-0.279636	0.807	0.904	1.50E-10
6	TCF7	-0.335827	0.114	0.284	1.78E-15
6	ZFP36L2	-0.366278	0.828	0.905	1.72E-10
6	EEF1B2	-0.379978	0.964	0.991	3.56E-22
7	DUSP4	1.595321	1	0.33	5.93E-261
7	CRIP1	0.472361	0.958	0.857	1.24E-15
7	LGALS1	0.463589	0.619	0.419	1.09E-10
7	IL32	0.437991	0.997	0.99	1.35E-23
7	S100A10	0.410761	0.973	0.912	1.54E-16
7	COTL1	0.402257	0.79	0.634	1.60E-12
7	LMNA	0.384281	0.492	0.272	9.04E-12
7	S100A4	0.379938	0.988	0.968	5.45E-19
7	SH3BGRL3	0.356084	1	0.981	2.66E-22
7	ACTB	0.348321	1	1	2.14E-18
7	FTH1	0.348144	1	1	3.27E-19
7	ANXA2	0.343895	0.652	0.467	4.03E-10
7	SRGN	0.341251	0.898	0.805	2.36E-07
7	TNFAIP3	0.335626	0.847	0.745	2.26E-05
7	ALOX5AP	0.328265	0.502	0.312	2.89E-09
7	HLA-DPB1	0.313942	0.577	0.365	4.17E-08

7	EMP3	0.307563	0.925	0.85	2.53E-09
7	EZR	0.299728	0.829	0.71	9.03E-07
7	HLA-C	0.297104	1	1	1.65E-17
7	S100A11	0.295333	0.538	0.382	1.31E-06
7	PFN1	0.293728	1	0.997	2.14E-13
7	TENT5C	0.292382	0.655	0.5	4.23E-06
7	CREM	0.278764	0.363	0.237	3.54E-05
7	CD52	0.271384	0.997	0.996	2.62E-08
7	HERPUD1	0.269098	0.562	0.451	4.95E-03
7	ITGB1	0.263926	0.706	0.558	3.71E-04
7	S100A6	0.261217	0.97	0.927	6.53E-07
7	ACTG1	0.258044	0.994	0.989	1.19E-02
7	B2M	0.254764	1	1	9.09E-27
7	CLIC1	0.254117	0.811	0.676	1.94E-05
7	TAGLN2	0.251965	0.901	0.825	1.25E-03
7	LCK	0.251496	0.814	0.737	2.32E-04
7	UBC	0.246709	1	0.995	7.69E-08
7	RHOG	0.245549	0.664	0.551	5.54E-04
7	HLA-A	0.244702	1	1	7.32E-13
7	ARHGDIB	0.242561	0.997	0.988	4.16E-09
7	DOK2	0.241356	0.55	0.415	1.50E-03
7	TSC22D3	0.236793	0.979	0.967	2.41E-04
7	RGCC	0.235295	0.526	0.394	4.13E-02
7	HLA-DPA1	0.231841	0.553	0.376	1.14E-03
7	GAPDH	0.231806	0.997	0.982	2.19E-07
7	CLEC2B	0.231184	0.483	0.344	3.01E-03
7	ARPC3	0.229271	0.868	0.804	1.49E-03
7	C12orf75	0.228983	0.417	0.261	2.10E-05
7	MAP1LC3B	0.224645	0.544	0.4	6.02E-04
7	CFL1	0.221088	0.997	0.983	1.43E-05
7	H3F3B	0.218134	0.997	0.99	3.86E-03
7	GSTK1	0.214085	0.928	0.851	9.29E-04
7	CSK	0.213707	0.514	0.374	1.79E-03
7	CYBA	0.213050	0.814	0.702	8.19E-04
7	MYL6	0.210786	0.928	0.885	5.27E-04
7	HLA-DQB1	0.209483	0.411	0.253	3.31E-03
7	TMSB10	0.209064	1	1	2.20E-08
7	VIM	0.206373	0.988	0.97	1.15E-03
7	CORO1A	0.205478	0.961	0.937	1.01E-02
7	RAC2	0.204736	0.946	0.907	3.15E-03
7	LSP1	0.202897	0.904	0.849	2.03E-02
7	SNHG29	-0.221064	0.793	0.857	4.08E-02
7	TCF7	-0.245785	0.156	0.277	4.27E-04
7	PRKCQ-AS1	-0.253914	0.183	0.318	3.49E-04
7	TXNIP	-0.289733	0.94	0.953	2.67E-02
7	GAS5	-0.304512	0.775	0.841	1.49E-04
7	EEF1B2	-0.318804	0.997	0.989	2.32E-05

avg_log2FC, log2 de la tasa de cambio de la expresión media entre los 2 grupos comparados; pct.1, porcentaje de e

Tabla 8. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en CTL de pacientes con GCA activa en comparación con controles sanos.

Identificador	Descripción	Número de genes	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0002376	Immune system process	21	2481	0.7	1.52e-	COTL1,FTH1,ZFP36L2,JUNB,DDIT4,CRIP1,EEF1A1,ZNF683,BTN3A2,ACTB,HLA-DRB1,ITM2A,RGCC,YPEL5,EVL,ERAP2,IL32,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0006955	Immune response	17	1588	0.8	6.51e-	COTL1,FTH1,CRIP1,EEF1A1,ZNF683,BTN3A2,HLA-DRB1,ITM2A,RGCC,YPEL5,EVL,ERAP2,IL32,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0002252	Immune effector process	11	969	0.83	0.0013	COTL1,FTH1,DDIT4,EEF1A1,BTN3A2,ACTB,HLA-DRB1,ITM2A,RGCC,YPEL5,GMFG
GO:0050896	Response to stimulus	28	8046	0.31	0.0013	COTL1,CSRNP1,FTH1,ZFP36L2,JUNB,DDIT4,CRIP1,EEF1A1,ZNF683,BTN3A2,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,S100A10,ITM2A,RGCC,YPEL5,EVL,UBA52,ERAP2,IL32,LDHA,ZFP36,GMFG,CCL5,TPT1,CCL4,CCL4L1
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	17	2919	0.54	0.0025	ZFP36L2,JUNB,DDIT4,CRIP1,EEF1A1,ZNF683,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,RGCC,EVL,UBA52,IL32,ZFP36,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0010033	Response to organic substance	17	3011	0.52	0.0032	ZFP36L2,JUNB,DDIT4,CRIP1,EEF1A1,ZNF683,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,EVL,UBA52,IL32,LDHA,ZFP36,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0071310	Cellular response to organic substance	15	2369	0.57	0.0040	ZFP36L2,JUNB,DDIT4,EEF1A1,ZNF683,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,EVL,UBA52,IL32,ZFP36,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0051246	Regulation of protein metabolic process	16	2828	0.53	0.0059	ZFP36L2,DUSP2,DDIT4,EEF1A1,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,ITM2A,RGCC,MYADM,UBA52,ZFP36,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0051707	Response to other organism	11	1256	0.72	0.0059	COTL1,JUNB,DDIT4,ZNF683,HLA-DRB1,EVL,ZFP36,CCL5,TPT1,CCL4,CCL4L1
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	10	1013	0.77	0.0059	ZFP36L2,JUNB,HLA-DRB1,EVL,UBA52,IL32,ZFP36,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0110053	Regulation of actin filament organization	6	273	1.11	0.0062	COTL1,S100A10,RGCC,MYADM,EVL,GMFG
GO:0001775	Cell activation	10	1075	0.74	0.0068	COTL1,FTH1,ZFP36L2,EEF1A1,ACTB,ITM2A,RGCC,YPEL5,GMFG,CCL5
GO:0042325	Regulation of phosphorylation	12	1626	0.64	0.0068	DUSP2,DDIT4,EEF1A1,ACTB,HLA-DRB1,RGCC,MYADM,UBA52,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0071346	Cellular response to interferon-gamma	5	161	1.27	0.0068	HLA-DRB1,EVL,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0006950	Response to stress	17	3485	0.46	0.0077	COTL1,ZFP36L2,DDIT4,CRIP1,ZNF683,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,RGCC,EVL,UBA52,IL32,LDHA,ZFP36,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0032268	Regulation of cellular protein metabolic process	15	2693	0.52	0.0077	ZFP36L2,DUSP2,DDIT4,EEF1A1,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,RGCC,MYADM,UBA52,ZFP36,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0042221	Response to chemical	19	4333	0.41	0.0077	ZFP36L2,JUNB,DDIT4,CRIP1,EEF1A1,ZNF683,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,S100A10,RGCC,EVL,UBA52,IL32,LDHA,ZFP36,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0001932	Regulation of protein phosphorylation	11	1459	0.65	0.0098	DUSP2,DDIT4,ACTB,HLA-DRB1,RGCC,MYADM,UBA52,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0032897	Negative regulation of viral transcription	3	27	1.82	0.0098	ZFP36,CCL5,CCL4
GO:0031399	Regulation of protein modification process	12	1870	0.58	0.0147	DUSP2,DDIT4,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,RGCC,MYADM,UBA52,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0048525	Negative regulation of viral process	4	105	1.35	0.0147	IL32,ZFP36,CCL5,CCL4
GO:0050792	Regulation of viral process	5	215	1.14	0.0147	HLA-DRB1,IL32,ZFP36,CCL5,CCL4
GO:0044419	Interspecies interaction between organisms	12	1899	0.57	0.0149	COTL1,JUNB,DDIT4,ZNF683,HLA-DRB1,EVL,UBA52,ZFP36,CCL5,TPT1,CCL4,CCL4L1
GO:0051338	Regulation of transferase activity	9	1036	0.71	0.0163	DUSP2,EEF1A1,ACTB,HLA-DRB1,RGCC,UBA52,ZFP36,GMFG,CCL5
GO:0007166	Cell surface receptor signaling pathway	13	2325	0.52	0.0199	CSRNP1,JUNB,DDIT4,ZNF683,BTN3A2,ACTB,HLA-DRB1,EVL,UBA52,IL32,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0071356	Cellular response to tumor necrosis factor	5	245	1.08	0.0205	ZFP36L2,ZFP36,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0002548	Monocyte chemotaxis	3	43	1.62	0.0218	CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0071364	Cellular response to epidermal growth factor stimulus	3	43	1.62	0.0218	ZFP36L2,EEF1A1,ZFP36
GO:0007165	Signal transduction	19	4876	0.36	0.0219	CSRNP1,ZFP36L2,JUNB,DDIT4,CRIP1,ZNF683,BTN3A2,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,RGCC,EVL,UBA52,IL32,ZFP36,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0060255	Regulation of macromolecule metabolic process	22	6407	0.31	0.0223	CSRNP1,ZFP36L2,DUSP2,JUNB,DDIT4,CRIP1,EEF1A1,ZNF683,BTN3A2,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,ITM2A,RGCC,MYADM,UBA52,IL32,ZFP36,GMFG,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:2000503	Positive regulation of natural killer cell chemotaxis	2	6	2.3	0.0240	CCL5,CCL4
GO:0002443	Leukocyte mediated immunity	7	641	0.81	0.0252	COTL1,FTH1,EEF1A1,BTN3A2,HLA-DRB1,YPEL5,GMFG
GO:0048247	Lymphocyte chemotaxis	3	50	1.55	0.0269	CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0098542	Defense response to other organism	8	900	0.72	0.0278	COTL1,DDIT4,ZNF683,HLA-DRB1,EVL,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0014070	Response to organic cyclic compound	8	911	0.72	0.0296	ZFP36L2,JUNB,DDIT4,ZNF683,ACTB,LDHA,ZFP36,CCL5
GO:0051496	Positive regulation of stress fiber assembly	3	53	1.53	0.0297	S100A10,RGCC,EVL
GO:0043549	Regulation of kinase activity	8	918	0.71	0.0299	DUSP2,EEF1A1,ACTB,HLA-DRB1,RGCC,UBA52,GMFG,CCL5
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	7	678	0.79	0.0301	JUNB,HLA-DRB1,UBA52,IL32,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0045321	Leukocyte activation	8	929	0.71	0.0312	COTL1,FTH1,ZFP36L2,EEF1A1,ITM2A,YPEL5,GMFG,CCL5
GO:0071385	Cellular response to glucocorticoid stimulus	3	59	1.48	0.0366	ZFP36L2,DDIT4,ZFP36
GO:0071363	Cellular response to growth factor stimulus	6	494	0.86	0.0385	ZFP36L2,DDIT4,EEF1A1,UBA52,ZFP36,CCL5
GO:0042119	Neutrophil activation	6	497	0.85	0.0391	COTL1,FTH1,EEF1A1,YPEL5,GMFG,CCL5
GO:0006952	Defense response	9	1296	0.61	0.0439	COTL1,DDIT4,ZNF683,HLA-DRB1,EVL,IL32,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0030833	Regulation of actin filament polymerization	4	173	1.14	0.0439	COTL1,MYADM,EVL,GMFG
GO:0071347	Cellular response to interleukin-1	4	174	1.13	0.0439	UBA52,CCL5,CCL4,CCL4L1
GO:0097011	Cellular response to granulocyte macrophage colony-stimulating factor	2	11	2.03	0.0439	ZFP36L2,ZFP36
GO:0009605	Response to external stimulus	12	2310	0.49	0.0447	COTL1,JUNB,DDIT4,ZNF683,HLA-DRB1,EVL,LDHA,ZFP36,CCL5,TPT1,CCL4,CCL4L1
GO:0071407	Cellular response to organic cyclic compound	6	537	0.82	0.0473	ZFP36L2,DDIT4,ZNF683,ACTB,ZFP36,CCL5
GO:0001666	Response to hypoxia	5	342	0.94	0.0483	DDIT4,LMNA,RGCC,UBA52,LDHA
GO:0048519	Negative regulation of biological process	19	5389	0.32	0.0495	FTH1,ZFP36L2,DUSP2,JUNB,DDIT4,ZNF683,HLA-DRB1,LMNA,ITM2A,RGCC,MYADM,EVL,UBA52,IL32,ZFP36,GMFG,CCL5,TPT1,CCL4

Tabla 9. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células naïve de pacientes GCA activos vs controles sanos

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0051592	Response to calcium ion	7	150	1.66	1.70e-06	DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,JUN,TXNIP
GO:0051591	Response to camp	6	98	1.78	4.54e-06	DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,JUN
GO:0014070	Response to organic cyclic compound	10	911	1.03	2.36e-05	NFKBIA,DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0071277	Cellular response to calcium ion	5	85	1.76	5.76e-05	FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,JUN
GO:0009612	Response to mechanical stimulus	6	212	1.44	0.00010	NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,JUN,TXNIP
GO:0033993	Response to lipid	9	858	1.01	0.00010	NFKBIA,DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0045637	Regulation of myeloid cell differentiation	6	260	1.35	0.00025	NFKBIA,H3F3B,FOS,JUN,HIST1H4C,ZFP36
GO:0009719	Response to endogenous stimulus	10	1447	0.83	0.00046	DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0010628	Positive regulation of gene expression	12	2337	0.7	0.00046	PPP1R15A,NFKBIA,FOSB,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,LTB,IER2,ZFP36
GO:1903706	Regulation of hemopoiesis	7	493	1.14	0.00046	NFKBIA,H3F3B,IL7R,FOS,JUN,HIST1H4C,ZFP36
GO:0034097	Response to cytokine	9	1101	0.9	0.00051	NFKBIA,DUSP1,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,JUN,LTB,ZFP36
GO:0009628	Response to abiotic stimulus	9	1147	0.89	0.00060	NFKBIA,DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP
GO:0010033	Response to organic substance	13	3011	0.63	0.00060	NFKBIA,DUSP1,FOSB,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,LTB,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0048545	Response to steroid hormone	6	328	1.25	0.00060	DUSP1,FOSB,FOS,NR4A2,TXNIP,ZFP36
GO:0009725	Response to hormone	8	849	0.96	0.00066	DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0032870	Cellular response to hormone stimulus	7	569	1.08	0.00066	DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,ZFP36
GO:1901700	Response to oxygen-containing compound	10	1567	0.8	0.00066	NFKBIA,DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0035994	Response to muscle stretch	3	18	2.21	0.00070	NFKBIA,FOS,JUN
GO:2000112	Regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	14	3878	0.55	0.00090	PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0010941	Regulation of cell death	10	1696	0.76	0.0010	GADD45B,NFKBIA,DUSP1,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0019219	Regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	14	3982	0.54	0.0011	NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0060255	Regulation of macromolecule metabolic process	17	6407	0.41	0.0011	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,LTB,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0010243	Response to organonitrogen compound	8	987	0.9	0.0013	NFKBIA,DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN
GO:0010468	Regulation of gene expression	15	4813	0.48	0.0013	PPP1R15A,NFKBIA,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,LTB,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	8	1013	0.89	0.0015	NFKBIA,DUSP1,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,LTB,ZFP36
GO:0051171	Regulation of nitrogen compound metabolic process	16	5836	0.43	0.0018	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0071310	Cellular response to organic substance	11	2369	0.66	0.0018	NFKBIA,DUSP1,FOSB,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,LTB,ZFP36
GO:0010604	Positive regulation of macromolecule metabolic process	13	3600	0.55	0.0020	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,FOSB,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,LTB,IER2,ZFP36
GO:0051172	Negative regulation of nitrogen compound metabolic process	11	2429	0.65	0.0020	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:2000113	Negative regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	9	1470	0.78	0.0020	DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:0045934	Negative regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	9	1528	0.76	0.0025	DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:0080090	Regulation of primary metabolic process	16	6032	0.41	0.0025	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0042981	Regulation of apoptotic process	9	1550	0.75	0.0027	GADD45B,NFKBIA,DUSP1,IL7R,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0048518	Positive regulation of biological process	16	6112	0.41	0.0028	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,LTB,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0071495	Cellular response to endogenous stimulus	8	1181	0.82	0.0031	DUSP1,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,ZFP36
GO:0031323	Regulation of cellular metabolic process	16	6239	0.4	0.0035	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0031324	Negative regulation of cellular metabolic process	11	2630	0.61	0.0035	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:0032496	Response to lipopolysaccharide	5	313	1.19	0.0035	NFKBIA,JUNB,FOS,JUN,ZFP36
GO:0032570	Response to progesterone	3	45	1.81	0.0035	FOSB,FOS,TXNIP
GO:0051384	Response to glucocorticoid	4	147	1.43	0.0035	DUSP1,FOSB,FOS,ZFP36
GO:0006357	Regulation of transcription by rna polymerase ii	10	2172	0.65	0.0040	NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0045944	Positive regulation of transcription by rna polymerase ii	8	1253	0.8	0.0040	NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,IER2
GO:0045892	Negative regulation of transcription, dna-templated	8	1273	0.79	0.0043	FOSB,H3F3B,JUNB,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:0006355	Regulation of transcription, dna-templated	12	3388	0.54	0.0047	NFKBIA,FOSB,H3F3B,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0048522	Positive regulation of cellular process	15	5579	0.42	0.0047	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0051254	Positive regulation of rna metabolic process	9	1759	0.7	0.0052	NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,IER2,ZFP36
GO:0048523	Negative regulation of cellular process	14	4874	0.45	0.0053	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,IL7R,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:0010605	Negative regulation of macromolecule metabolic process	11	2875	0.57	0.0058	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,FOSB,H3F3B,JUNB,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:0065009	Regulation of molecular function	14	4913	0.45	0.0058	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,FAM13A,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,LTB,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0007565	Female pregnancy	4	183	1.33	0.0062	FOSB,H3F3B,JUNB,FOS
GO:0006979	Response to oxidative stress	5	393	1.1	0.0071	DUSP1,FOS,NR4A2,JUN,TXNIP
GO:0045595	Regulation of cell differentiation	9	1874	0.67	0.0074	NFKBIA,H3F3B,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,JUN,HIST1H4C,ZFP36
GO:0000302	Response to reactive oxygen species	4	198	1.3	0.0078	DUSP1,FOS,JUN,TXNIP
GO:0010557	Positive regulation of macromolecule biosynthetic process	9	1906	0.66	0.0079	PPP1R15A,NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,IER2
GO:1901654	Response to ketone	4	199	1.29	0.0079	DUSP1,FOSB,FOS,TXNIP

GO:0009314	Response to radiation	5	431	1.05	0.0097	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,JUN
GO:1903897	Regulation of perk-mediated unfolded protein response	2	10	2.29	0.0098	PPP1R15A,HSPA5
GO:0071216	Cellular response to biotic stimulus	4	219	1.25	0.0103	NFKBIA,HSPA5,TXNIP,ZFP36
GO:0002682	Regulation of immune system process	8	1514	0.71	0.0104	NFKBIA,DUSP1,H3F3B,IL7R,FOS,JUN,HIST1H4C,ZFP36
GO:0031328	Positive regulation of cellular biosynthetic process	9	2005	0.64	0.0105	PPP1R15A,NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,IER2
GO:0050896	Response to stimulus	17	8046	0.32	0.0105	PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,FAM13A,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,LTB,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0002683	Negative regulation of immune system process	5	450	1.04	0.0109	NFKBIA,DUSP1,IL7R,HIST1H4C,ZFP36
GO:0031668	Cellular response to extracellular stimulus	4	236	1.22	0.0126	FOS,HSPA5,NR4A2,JUN
GO:0051173	Positive regulation of nitrogen compound metabolic process	11	3239	0.52	0.0134	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,IER2,ZFP36
GO:0044092	Negative regulation of molecular function	7	1163	0.77	0.0137	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:1900102	Negative regulation of endoplasmic reticulum unfolded protein response	2	13	2.18	0.0137	PPP1R15A,HSPA5
GO:0009991	Response to extracellular stimulus	5	483	1.01	0.0139	FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,ZFP36
GO:0045638	Negative regulation of myeloid cell differentiation	3	97	1.48	0.0178	NFKBIA,HIST1H4C,ZFP36
GO:0050794	Regulation of cellular process	19	10932	0.23	0.0185	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,FOSB,H3F3B,FAM13A,TUBA1A,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,LTB,TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0070848	Response to growth factor	5	524	0.97	0.0193	FOS,HSPA5,JUN,IER2,ZFP36
GO:0051716	Cellular response to stimulus	15	6489	0.35	0.0194	PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,FOSB,FAM13A,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,LTB,TXNIP,ZFP36
GO:0031325	Positive regulation of cellular metabolic process	11	3413	0.5	0.0197	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,IER2,ZFP36
GO:0033554	Cellular response to stress	8	1725	0.66	0.0212	PPP1R15A,NFKBIA,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,ZFP36
GO:0007165	Signal transduction	13	4876	0.42	0.0213	PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,FAM13A,JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,LTB,TXNIP,ZFP36
GO:0048535	Lymph node development	2	18	2.04	0.0219	IL7R,LTB
GO:0006950	Response to stress	11	3485	0.49	0.0230	PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,H3F3B,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,HIST1H4C,TXNIP,ZFP36
GO:0009607	Response to biotic stimulus	7	1289	0.73	0.0230	NFKBIA,JUNB,FOS,HSPA5,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0043066	Negative regulation of apoptotic process	6	893	0.82	0.0235	NFKBIA,DUSP1,IL7R,HSPA5,NR4A2,JUN
GO:0000122	Negative regulation of transcription by rna polymerase ii	6	895	0.82	0.0236	FOSB,JUNB,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0006351	Transcription, dna-templated	5	567	0.94	0.0248	FOSB,FOS,NR4A2,JUN,HIST1H4C
GO:0009605	Response to external stimulus	9	2310	0.58	0.0248	NFKBIA,FOSB,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,TXNIP,ZFP36
GO:0051412	Response to corticosterone	2	20	1.99	0.0248	FOSB,FOS
GO:0060964	Regulation of gene silencing by mirna	3	114	1.41	0.0248	H3F3B,HIST1H4C,ZFP36
GO:0042542	Response to hydrogen peroxide	3	119	1.39	0.0261	DUSP1,JUN,TXNIP
GO:0045597	Positive regulation of cell differentiation	6	993	0.77	0.0370	JUNB,IL7R,FOS,HSPA5,JUN,ZFP36
GO:0032897	Negative regulation of viral transcription	2	27	1.86	0.0388	JUN,ZFP36
GO:1901701	Cellular response to oxygen-containing compound	6	1055	0.75	0.0480	NFKBIA,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,ZFP36
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	5	678	0.86	0.0485	NFKBIA,JUNB,IL7R,FOS,LTB

Tabla 10. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células TCM de pacientes GCA activos versus controles.

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	15	2919	0.64	0.00079	NFKBIA,LAPTM5,HSPA5,SOCS3,CRIP1,EEF1A1,NR4A2,LMNA,RGCC,DDX17,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36,TNFAIP3
GO:0071310	Cellular response to organic substance	13	2369	0.67	0.0028	NFKBIA,LAPTM5,HSPA5,SOCS3,EEF1A1,NR4A2,LMNA,DDX17,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36,TNFAIP3
GO:0010033	Response to organic substance	14	3011	0.6	0.0032	NFKBIA,LAPTM5,HSPA5,SOCS3,CRIP1,EEF1A1,NR4A2,LMNA,DDX17,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36,TNFAIP3
GO:0050896	Response to stimulus	21	8046	0.35	0.0032	NFKBIA,SRGN,CSRNP1,LAPTM5,ARHGAP15,HSPA5,SOCS3,CRIP1,EEF1A1,NR4A2,LMNA,FTL,RGCC,YPEL5,DDX17,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36,TNFAIP3,CD48
GO:0042981	Regulation of apoptotic process	10	1550	0.74	0.0093	NFKBIA,HSPA5,SOCS3,NR4A2,LMNA,RGCC,ITGA4,CDKN1A,ZFP36,TNFAIP3
GO:1904035	Regulation of epithelial cell apoptotic process	4	87	1.59	0.0093	RGCC,ITGA4,ZFP36,TNFAIP3
GO:0007165	Signal transduction	16	4876	0.45	0.0137	NFKBIA,SRGN,CSRNP1,ARHGAP15,HSPA5,SOCS3,CRIP1,NR4A2,LMNA,RGCC,DDX17,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051716	Cellular response to stimulus	18	6489	0.37	0.0152	NFKBIA,SRGN,CSRNP1,LAPTM5,ARHGAP15,HSPA5,SOCS3,CRIP1,EEF1A1,NR4A2,LMNA,RGCC,DDX17,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36,TNFAIP3
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	8	1013	0.83	0.0152	NFKBIA,LAPTM5,HSPA5,SOCS3,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36
GO:0002682	Regulation of immune system process	9	1514	0.7	0.0244	NFKBIA,SOCS3,RGCC,ITGA4,CDKN1A,ACTG1,ZFP36,TNFAIP3,CD48
GO:2000351	Regulation of endothelial cell apoptotic process	3	50	1.71	0.0244	RGCC,ITGA4,TNFAIP3
GO:0051235	Maintenance of location	4	161	1.33	0.0271	NFKBIA,SRGN,HSPA5,FTL
GO:0030522	Intracellular receptor signaling pathway	4	166	1.31	0.0288	NFKBIA,NR4A2,DDX17,TNFAIP3
GO:0043066	Negative regulation of apoptotic process	7	893	0.82	0.0348	NFKBIA,HSPA5,SOCS3,NR4A2,LMNA,CDKN1A,TNFAIP3
GO:0006915	Apoptotic process	7	918	0.81	0.0361	NFKBIA,SRGN,CSRNP1,HSPA5,CRIP1,CDKN1A,TNFAIP3
GO:0071493	Cellular response to uv-b	2	8	2.33	0.0361	CRIP1,CDKN1A
GO:0050793	Regulation of developmental process	11	2648	0.55	0.0423	NFKBIA,SRGN,ARHGAP15,HSPA5,SOCS3,LMNA,RGCC,DDX17,CDKN1A,ZFP36,TNFAIP3
GO:0033554	Cellular response to stress	9	1725	0.65	0.0436	NFKBIA,HSPA5,CRIP1,NR4A2,LMNA,RGCC,CDKN1A,ZFP36,TNFAIP3

Tabla 11. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células TEM de pacientes activos GCA versus controles sanos

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0034097	Response to cytokine	14	1101	0.84	5.14e-05	DUSP1,ZFP36L2,SOC3,CCR10,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,ITGA4,UBA52,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0001775	Cell activation	13	1075	0.82	9.88e-05	SLC2A3,LGALS1,ZFP36L2,CD7,VAMP2,EEF1A1,JUN,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5
GO:0002682	Regulation of immune system process	15	1514	0.73	9.88e-05	LGALS1,DUSP1,ZFP36L2,SOC3,BTN3A2,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0006955	Immune response	15	1588	0.71	9.88e-05	SLC2A3,LGALS1,CD7,VAMP2,CRIP1,CCR10,EEF1A1,BTN3A2,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ACTG1,CCL5
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	20	2919	0.57	9.88e-05	LGALS1,DUSP1,ZFP36L2,VAMP2,SOC3,CRIP1,CCR10,EEF1A1,LMNA,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,UBA52,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0071310	Cellular response to organic substance	18	2369	0.62	9.88e-05	LGALS1,DUSP1,ZFP36L2,VAMP2,SOC3,CCR10,EEF1A1,LMNA,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,ITGA4,UBA52,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	13	1013	0.84	9.88e-05	DUSP1,ZFP36L2,SOC3,CCR10,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,ITGA4,UBA52,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0002376	Immune system process	18	2481	0.6	0.00011	SLC2A3,LGALS1,ZFP36L2,CD7,VAMP2,CRIP1,CCR10,EEF1A1,BTN3A2,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5
GO:0002684	Positive regulation of immune system process	12	949	0.84	0.00011	LGALS1,BTN3A2,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0010033	Response to organic substance	19	3011	0.54	0.00028	LGALS1,DUSP1,ZFP36L2,VAMP2,SOC3,CRIP1,CCR10,EEF1A1,LMNA,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,ITGA4,UBA52,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0050776	Regulation of immune response	11	896	0.82	0.00047	SOC3,BTN3A2,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5
GO:0030155	Regulation of cell adhesion	10	712	0.88	0.00049	LGALS1,DUSP1,CYTI,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0045321	Leukocyte activation	11	929	0.81	0.00057	SLC2A3,LGALS1,ZFP36L2,CD7,VAMP2,EEF1A1,JUN,ANXA1,GATA3,ITGA4,CCL5
GO:0042981	Regulation of apoptotic process	13	1550	0.66	0.0019	LGALS1,DUSP1,BTG1,SOC3,LMNA,JUN,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,UBA52,CCL5,TPT1
GO:0030334	Regulation of cell migration	10	865	0.8	0.0021	DUSP1,LMNA,JUN,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0008285	Negative regulation of cell population proliferation	9	696	0.85	0.0028	DUSP1,BTG1,LMNA,JUN,SF1,GATA3,RGCC,PPP2R5C,FAM65B
GO:0048583	Regulation of response to stimulus	20	4114	0.42	0.0039	LGALS1,DUSP1,DUSP2,SOC3,BTN3A2,LMNA,JUN,P16,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,UBA52,PPP2R5C,ACTG1,CCL5,TPT1,FAM65B
GO:0022407	Regulation of cell-cell adhesion	7	424	0.95	0.0064	LGALS1,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,CCL5,FAM65B
GO:0050778	Positive regulation of immune response	8	607	0.86	0.0067	BTN3A2,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ACTG1,CCL5
GO:0002250	Adaptive immune response	6	317	1.01	0.0112	CD7,BTN3A2,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3
GO:0010648	Negative regulation of cell communication	11	1382	0.64	0.0112	DUSP1,DUSP2,SOC3,LMNA,GATA3,RGCC,UBA52,PPP2R5C,CCL5,TPT1,FAM65B
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	8	678	0.81	0.0112	SOC3,CCR10,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,UBA52,CCL5
GO:0023057	Negative regulation of signaling	11	1385	0.64	0.0112	DUSP1,DUSP2,SOC3,LMNA,GATA3,RGCC,UBA52,PPP2R5C,CCL5,TPT1,FAM65B
GO:0042127	Regulation of cell population proliferation	12	1642	0.6	0.0112	DUSP1,BTG1,LMNA,JUN,ANXA1,SF1,GATA3,RGCC,ITGA4,PPP2R5C,CCL5,FAM65B
GO:0043065	Positive regulation of apoptotic process	8	660	0.82	0.0112	DUSP1,BTG1,JUN,ANXA1,RGCC,ITGA4,UBA52,CCL5
GO:0043066	Negative regulation of apoptotic process	9	893	0.74	0.0112	DUSP1,SOC3,LMNA,JUN,ANXA1,GATA3,UBA52,CCL5,TPT1
GO:0071363	Cellular response to growth factor stimulus	7	494	0.89	0.0112	ZFP36L2,EEF1A1,JUN,ANXA1,GATA3,UBA52,CCL5
GO:1903037	Regulation of leukocyte cell-cell adhesion	6	315	1.02	0.0112	LGALS1,ANXA1,GATA3,ITGA4,CCL5,FAM65B
GO:1908669	Cellular response to chemokine	4	90	1.38	0.0112	DUSP1,CCR10,CCL5,FAM65B
GO:0002521	Leukocyte differentiation	6	338	0.98	0.0115	LGALS1,ZFP36L2,JUN,ANXA1,GATA3,ITGA4
GO:0002768	Immune response-regulating cell surface receptor signaling pathway	6	346	0.97	0.0126	BTN3A2,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,GATA3,ACTG1
GO:0071495	Cellular response to endogenous stimulus	10	1181	0.66	0.0126	DUSP1,ZFP36L2,VAMP2,EEF1A1,JUN,ANXA1,GATA3,ITGA4,UBA52,CCL5
GO:0002685	Regulation of leukocyte migration	5	209	1.11	0.0127	DUSP1,ANXA1,ITGA4,CCL5,FAM65B
GO:0009888	Tissue development	12	1760	0.57	0.0127	DUSP1,DUSP2,SOC3,CRIP1,TAGLN2,LMNA,JUN,ANXA1,GATA3,ITGA4,ACTG1,FAM65B
GO:0030335	Positive regulation of cell migration	7	522	0.86	0.0127	JUN,ANXA1,GATA3,ITGA4,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:1903039	Positive regulation of leukocyte cell-cell adhesion	5	228	1.08	0.0166	LGALS1,ANXA1,GATA3,ITGA4,CCL5
GO:0002253	Activation of immune response	6	385	0.93	0.0172	BTN3A2,HLA-DQA2,HLA-DRB5,GATA3,RGCC,ACTG1
GO:0009968	Negative regulation of signal transduction	10	1271	0.63	0.0173	DUSP1,DUSP2,SOC3,LMNA,GATA3,UBA52,PPP2R5C,CCL5,TPT1,FAM65B
GO:0046649	Lymphocyte activation	6	390	0.92	0.0178	LGALS1,ZFP36L2,CD7,ANXA1,GATA3,ITGA4
GO:0030098	Lymphocyte differentiation	5	242	1.05	0.0192	LGALS1,ZFP36L2,ANXA1,GATA3,ITGA4
GO:2000404	Regulation of t cell migration	3	45	1.56	0.0210	ITGA4,CCL5,FAM65B
GO:0048584	Positive regulation of response to stimulus	13	2257	0.5	0.0253	LGALS1,SOC3,BTN3A2,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,UBA52,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0048585	Negative regulation of response to stimulus	11	1636	0.56	0.0259	DUSP1,DUSP2,SOC3,LMNA,ANXA1,GATA3,UBA52,PPP2R5C,CCL5,TPT1,FAM65B
GO:2000351	Regulation of endothelial cell apoptotic process	3	50	1.51	0.0288	GATA3,RGCC,ITGA4
GO:0001706	Endoderm formation	3	52	1.5	0.0294	DUSP1,DUSP2,ITGA4
GO:0007166	Cell surface receptor signaling pathway	13	2325	0.48	0.0315	CD7,SOC3,CCR10,BTN3A2,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,ITGA4,UBA52,ACTG1,CCL5
GO:0051249	Regulation of lymphocyte activation	6	445	0.86	0.0315	LGALS1,ZFP36L2,ANXA1,GATA3,CCL5,FAM65B
GO:0051716	Cellular response to stimulus	23	6489	0.28	0.0315	LGALS1,DUSP1,ZFP36L2,CD7,VAMP2,SOC3,CRIP1,CCR10,EEF1A1,BTN3A2,LMNA,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,UBA52,PPP2R5C,ACTG1,CCL5,FAM65B
GO:0007162	Negative regulation of cell adhesion	5	280	0.99	0.0318	LGALS1,DUSP1,ANXA1,RGCC,FAM65B
GO:0034112	Positive regulation of homotypic cell-cell adhesion	2	9	2.08	0.0341	LGALS1,CCL5
GO:0035556	Intracellular signal transduction	11	1712	0.54	0.0341	DUSP1,ZFP36L2,SOC3,CRIP1,CCR10,JUN,GATA3,RGCC,UBA52,PPP2R5C,CCL5
GO:0009628	Response to abiotic stimulus	9	1147	0.63	0.0344	DUSP1,CRIP1,LMNA,JUN,ANXA1,GATA3,RGCC,UBA52,FAM65B
GO:0044092	Negative regulation of molecular function	9	1163	0.62	0.0376	DUSP1,DUSP2,SOC3,JUN,P16,ANXA1,ITGA4,CCL5,FAM65B
GO:0007346	Regulation of mitotic cell cycle	7	676	0.75	0.0378	DUSP1,BTG1,ZFP36L2,ANXA1,RGCC,PPP2R5C,FAM65B
GO:0071346	Cellular response to interferon-gamma	4	161	1.13	0.0407	HLA-DQA2,HLA-DRB5,ACTG1,CCL5
GO:0023052	Signaling	20	5239	0.32	0.0432	DUSP1,ZFP36L2,CD7,VAMP2,SOC3,CRIP1,CCR10,BTN3A2,LMNA,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,UBA52,PPP2R5C,ACTG1,CCL5
GO:0045930	Negative regulation of mitotic cell cycle	5	308	0.95	0.0433	DUSP1,BTG1,ZFP36L2,RGCC,PPP2R5C
GO:0002429	Immune response-activating cell surface receptor signaling pathway	5	311	0.94	0.0444	BTN3A2,HLA-DQA2,HLA-DRB5,GATA3,ACTG1
GO:0050852	T cell receptor signaling pathway	4	167	1.11	0.0444	BTN3A2,HLA-DQA2,HLA-DRB5,GATA3
GO:0002252	Immune effector process	8	969	0.65	0.0499	SLC2A3,LGALS1,VAMP2,EEF1A1,BTN3A2,GATA3,RGCC,ACTG1
GO:0007154	Cell communication	20	5320	0.31	0.0499	DUSP1,ZFP36L2,CD7,VAMP2,SOC3,CRIP1,CCR10,BTN3A2,LMNA,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,UBA52,PPP2R5C,ACTG1,CCL5
GO:0007165	Signal transduction	19	4876	0.33	0.0499	DUSP1,ZFP36L2,CD7,SOC3,CRIP1,CCR10,BTN3A2,LMNA,JUN,HLA-DQA2,HLA-DRB5,ANXA1,GATA3,RGCC,ITGA4,UBA52,PPP2R5C,ACTG1,CCL5

GO:0051726	Regulation of cell cycle	9	1230	0.6	0.0499	DUSP1,BTG1,ZFP36L2,JUN,ANXA1,GATA3,RGCC,PPP2R5C,FAM65B
------------	--------------------------	---	------	-----	--------	--------------------------------------------------------

Tabla 12. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células GZMK+ T de pacientes GCA activos versus controles sanos.

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0000079	Regulation of cyclin-dependent protein serine/threonine kinase activity	5	97	1.68	0.00085	ACTB,SERTAD1,CCND3,RGCC,CDKN1A
GO:0002684	Positive regulation of immune system process	9	949	0.95	0.00085	CD74,BTN3A2,ACTB,RGCC,ITGA4,CDKN1A,ARPC1B,ACTG1,CCL5
GO:0045859	Regulation of protein kinase activity	9	812	1.01	0.00085	CD74,GADD45B,ACTB,SERTAD1,CCND3,RGCC,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:0071900	Regulation of protein serine/threonine kinase activity	7	521	1.1	0.0015	CD74,GADD45B,ACTB,SERTAD1,CCND3,RGCC,CDKN1A
GO:0050776	Regulation of immune response	8	896	0.92	0.0037	CD74,BTN3A2,ACTB,RGCC,ITGA4,ARPC1B,ACTG1,CCL5
GO:0050778	Positive regulation of immune response	7	607	1.03	0.0037	CD74,BTN3A2,ACTB,RGCC,ARPC1B,ACTG1,CCL5
GO:0043068	Positive regulation of programmed cell death	7	666	0.99	0.0054	GADD45B,MAL,RGCC,ITGA4,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:0032091	Negative regulation of protein binding	4	106	1.55	0.0061	ACTB,ITGA4,CDKN1A,GNB2L1
GO:0001775	Cell activation	8	1075	0.84	0.0080	CD74,ACTB,CCND3,FTL,RGCC,ITGA4,ACTG1,CCL5
GO:0043085	Positive regulation of catalytic activity	9	1489	0.75	0.0080	CD74,GADD45B,ARHGAP15,MAL,CCND3,RGCC,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:0048583	Regulation of response to stimulus	14	4114	0.5	0.0080	CD74,GADD45B,ARHGAP15,MAL,BTN3A2,ACTB,CCND3,RGCC,CORO1B,ITGA4,ARPC1B,GNB2L1,ACTG1,CCL5
GO:0050790	Regulation of catalytic activity	11	2386	0.63	0.0080	CD74,GADD45B,ARHGAP15,MAL,ACTB,SERTAD1,CCND3,RGCC,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:1904031	Positive regulation of cyclin-dependent protein kinase activity	3	34	1.91	0.0080	CCND3,RGCC,CDKN1A
GO:0045860	Positive regulation of protein kinase activity	6	550	1.01	0.0123	CD74,GADD45B,CCND3,RGCC,CDKN1A,CCL5
GO:0030334	Regulation of cell migration	7	865	0.88	0.0137	CD74,RGCC,CORO1B,ITGA4,GNB2L1,ACTG1,CCL5
GO:0051726	Regulation of cell cycle	8	1230	0.78	0.0137	GADD45B,TUBA4A,ACTB,SERTAD1,CCND3,RGCC,CDKN1A,GNB2L1
GO:0032147	Activation of protein kinase activity	5	376	1.09	0.0203	CD74,GADD45B,RGCC,CDKN1A,CCL5
GO:0048584	Positive regulation of response to stimulus	10	2257	0.62	0.0204	CD74,GADD45B,MAL,BTN3A2,ACTB,RGCC,ARPC1B,GNB2L1,ACTG1,CCL5
GO:0002252	Immune effector process	7	969	0.83	0.0208	CD74,BTN3A2,ACTB,FTL,RGCC,ARPC1B,ACTG1
GO:0002253	Activation of immune response	5	385	1.08	0.0208	BTN3A2,ACTB,RGCC,ARPC1B,ACTG1
GO:0043065	Positive regulation of apoptotic process	6	660	0.93	0.0213	GADD45B,MAL,RGCC,ITGA4,GNB2L1,CCL5
GO:0001934	Positive regulation of protein phosphorylation	7	1019	0.81	0.0224	CD74,GADD45B,CCND3,RGCC,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:0038096	Fc-gamma receptor signaling pathway involved in phagocytosis	3	73	1.58	0.0234	ACTB,ARPC1B,ACTG1
GO:0002376	Immune system process	10	2481	0.57	0.0282	CD74,BTN3A2,ACTB,CCND3,FTL,RGCC,ITGA4,ARPC1B,ACTG1,CCL5
GO:0150105	Protein localization to cell-cell junction	2	12	2.19	0.0282	ACTB,ACTG1
GO:0045176	Apical protein localization	2	13	2.16	0.0304	MAL,ACTB
GO:0048013	Ephrin receptor signaling pathway	3	86	1.51	0.0304	ACTB,ARPC1B,ACTG1
GO:0042981	Regulation of apoptotic process	8	1550	0.68	0.0321	CD74,GADD45B,MAL,RGCC,ITGA4,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:0071850	Mitotic cell cycle arrest	2	16	2.07	0.0387	RGCC,CDKN1A
GO:0032270	Positive regulation of cellular protein metabolic process	8	1635	0.66	0.0416	CD74,GADD45B,MAL,CCND3,RGCC,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:0048518	Positive regulation of biological process	15	6112	0.36	0.0416	CD74,GADD45B,MAL,BTN3A2,ACTB,SERTAD1,CCND3,RGCC,CORO1B,ITGA4,CDKN1A,ARPC1B,GNB2L1,ACTG1,CCL5
GO:0030335	Positive regulation of cell migration	5	522	0.95	0.0422	CD74,ITGA4,GNB2L1,ACTG1,CCL5
GO:0110053	Regulation of actin filament organization	4	273	1.14	0.0422	RGCC,CORO1B,ARPC1B,ACTG1
GO:0032268	Regulation of cellular protein metabolic process	10	2693	0.54	0.0426	CD74,GADD45B,MAL,ACTB,SERTAD1,CCND3,RGCC,CDKN1A,GNB2L1,CCL5
GO:2000353	Positive regulation of endothelial cell apoptotic process	2	20	1.97	0.0493	RGCC,ITGA4

Tabla 13. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en Tregs de pacientes GCA activos versus controles sanos.

Identificador	Descripción	Número de genes	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0002376	Immune system process	18	2481	0.72	1.44e-06	CD74, LGALS1, COTL1, PMAIP1, CRIP1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, YPEL5, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, CRIP2, ACTG1, TNFAIP3
GO:0050776	Regulation of immune response	12	896	0.99	5.36e-06	CD74, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0002252	Immune effector process	12	969	0.95	8.61e-06	CD74, LGALS1, COTL1, PMAIP1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, YPEL5, IFITM1, ACTG1
GO:0002682	Regulation of immune system process	14	1514	0.83	8.61e-06	CD74, LGALS1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, TSC22D3, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0002684	Positive regulation of immune system process	11	949	0.92	6.00e-05	CD74, LGALS1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, ITGA4, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0006950	Response to stress	18	3485	0.57	6.42e-05	CD74, PPP1R15A, LGALS1, COTL1, UCP2, PMAIP1, CRIP1, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, TSC22D3, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0002253	Activation of immune response	8	385	1.18	7.12e-05	BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0006955	Immune response	13	1588	0.77	7.47e-05	CD74, LGALS1, COTL1, CRIP1, BTN3A2, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, YPEL5, HLA-DRA, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0048583	Regulation of response to stimulus	19	4114	0.52	7.48e-05	CD74, PPP1R15A, LGALS1, ARHGDI, DUSP4, MAL, PMAIP1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0050778	Positive regulation of immune response	9	607	1.03	0.00010	CD74, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0002429	Immune response-activating cell surface receptor signaling pathway	7	311	1.21	0.00021	BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0019886	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class ii	5	96	1.58	0.00021	CD74, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, HLA-DPB1
GO:0034341	Response to interferon-gamma	6	182	1.38	0.00021	HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0046596	Regulation of viral entry into host cell	4	35	1.92	0.00021	CD74, LGALS1, HLA-DRB1, IFITM1
GO:0048584	Positive regulation of response to stimulus	14	2257	0.65	0.00025	CD74, PPP1R15A, LGALS1, MAL, PMAIP1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0046598	Positive regulation of viral entry into host cell	3	10	2.34	0.00039	CD74, LGALS1, HLA-DRB1
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	15	2919	0.57	0.00064	CD74, LGALS1, PMAIP1, CRIP1, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0060333	Interferon-gamma-mediated signaling pathway	4	70	1.62	0.0015	HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, HLA-DPB1
GO:0071346	Cellular response to interferon-gamma	5	161	1.35	0.0015	HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0050852	T cell receptor signaling pathway	5	167	1.34	0.0016	BTN3A2, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, HLA-DPB1
GO:0002250	Adaptive immune response	6	317	1.14	0.0018	CD74, BTN3A2, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, HLA-DPB1
GO:0030155	Regulation of cell adhesion	8	712	0.91	0.0018	CD74, LGALS1, ARHGDI, HLA-DRB1, RGCC, ITGA4, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0006952	Defense response	10	1296	0.75	0.0021	CD74, COTL1, PMAIP1, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0010033	Response to organic substance	14	3011	0.53	0.0042	CD74, LGALS1, PMAIP1, CRIP1, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, HLA-DQB1, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0098542	Defense response to other organism	8	900	0.81	0.0072	COTL1, PMAIP1, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0022407	Regulation of cell-cell adhesion	6	424	1.01	0.0073	CD74, LGALS1, HLA-DRB1, RGCC, ITGA4, HLA-DPB1
GO:0050896	Response to stimulus	22	8046	0.3	0.0073	CD74, PPP1R15A, LGALS1, ARHGDI, COTL1, UCP2, PMAIP1, CRIP1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, TSC22D3, HLA-DQB1, RGCC, YPEL5, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0002503	Peptide antigen assembly with mhc class ii protein complex	2	4	2.56	0.0088	HLA-DRB1, HLA-DRA
GO:0051707	Response to other organism	9	1256	0.72	0.0092	COTL1, PMAIP1, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0071310	Cellular response to organic substance	12	2369	0.56	0.0092	CD74, LGALS1, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, HLA-DQB1, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0007165	Signal transduction	17	4876	0.4	0.0094	CD74, PPP1R15A, ARHGDI, PMAIP1, CRIP1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0048518	Positive regulation of biological process	19	6112	0.35	0.0096	CD74, PPP1R15A, ARHGDI, PMAIP1, CRIP1, BTN3A2, ACTB, HLA-DRB1, LMNA, HLA-DQB1, RGCC, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1, TNFAIP3
GO:0007162	Negative regulation of cell adhesion	5	280	1.11	0.0105	CD74, LGALS1, ARHGDI, HLA-DRB1, RGCC
GO:0002449	Lymphocyte mediated immunity	4	141	1.31	0.0116	CD74, BTN3A2, HLA-DRB1, HLA-DQB1
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	8	1013	0.76	0.0124	CD74, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, ACTG1
GO:0002460	Adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin	4	148	1.29	0.0129	CD74, BTN3A2, HLA-DRB1, HLA-DQB1
GO:2000351	Regulation of endothelial cell apoptotic process	3	50	1.64	0.0129	RGCC, ITGA4, TNFAIP3
GO:1903037	Regulation of leukocyte cell-cell adhesion	5	315	1.06	0.0155	CD74, LGALS1, HLA-DRB1, ITGA4, HLA-DPB1
GO:0001775	Cell activation	8	1075	0.73	0.0165	CD74, LGALS1, COTL1, ACTB, RGCC, YPEL5, ITGA4, ACTG1
GO:2001236	Regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway	4	161	1.26	0.0165	MAL, PMAIP1, LMNA, TNFAIP3
GO:1902041	Regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway via death domain receptors	3	59	1.57	0.0182	MAL, PMAIP1, TNFAIP3
GO:0030334	Regulation of cell migration	7	865	0.77	0.0275	CD74, ARHGDI, LMNA, RGCC, ITGA4, IFITM1, ACTG1
GO:0045657	Positive regulation of monocyte differentiation	2	11	2.12	0.0279	CD74, HLA-DRB1
GO:0042981	Regulation of apoptotic process	9	1550	0.62	0.0305	CD74, LGALS1, MAL, PMAIP1, LMNA, TSC22D3, RGCC, ITGA4, TNFAIP3
GO:0150105	Protein localization to cell-cell junction	2	12	2.08	0.0316	ACTB, ACTG1
GO:0045176	Apical protein localization	2	13	2.05	0.0349	MAL, ACTB
GO:0002443	Leukocyte mediated immunity	6	641	0.83	0.0375	CD74, COTL1, BTN3A2, HLA-DRB1, HLA-DQB1, YPEL5
GO:0016064	Immunoglobulin mediated immune response	3	83	1.42	0.0384	CD74, HLA-DRB1, HLA-DQB1
GO:0002520	Immune system development	6	652	0.82	0.0387	CD74, LGALS1, HLA-DRB1, ITGA4, CRIP2, TNFAIP3
GO:2001233	Regulation of apoptotic signaling pathway	5	409	0.95	0.0387	CD74, MAL, PMAIP1, LMNA, TNFAIP3
GO:0042127	Regulation of cell population proliferation	9	1642	0.6	0.0404	CD74, HLA-DRB1, LMNA, RGCC, ITGA4, IFITM1, HLA-DPB1, CRIP2, TNFAIP3
GO:1902043	Positive regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway via death domain receptors	2	15	1.99	0.0404	MAL, PMAIP1
GO:1903039	Positive regulation of leukocyte cell-cell adhesion	4	228	1.1	0.0425	CD74, LGALS1, ITGA4, HLA-DPB1
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	6	678	0.81	0.0426	CD74, HLA-DRB1, HLA-DQB1, HLA-DRA, IFITM1, HLA-DPB1
GO:0051641	Cellular localization	12	2967	0.47	0.0426	CD74, PPP1R15A, COTL1, MAL, PMAIP1, ACTB, TAGLN2, LMNA, YPEL5, ITGA4, ACTG1, TNFAIP3
GO:0070663	Regulation of leukocyte proliferation	4	237	1.09	0.0455	CD74, HLA-DRB1, HLA-DPB1, TNFAIP3
GO:0051249	Regulation of lymphocyte activation	5	445	0.91	0.0474	CD74, LGALS1, HLA-DRB1, HLA-DPB1, TNFAIP3
GO:0000079	Regulation of cyclin-dependent protein serine/threonine kinase activity	3	97	1.35	0.0482	ACTB, RGCC, TNFAIP3

Tabla 14. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en **CTL de pacientes GCA activos versus pacientes en remisión.**

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0008626	Granzyme-mediated apoptotic signaling pathway	2	6	3.21	0.0113	GZMH,GZMB

Tabla 15. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células T naive de pacientes GCA activos versus pacientes en remisión.

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:000018	Regulation of dna recombination	3	106	1.27	0.0351	NDPIP1,IL7R,PTPRC
GO:0001817	Regulation of cytokine production	10	742	0.94	0.4805	CD74,NDPIP1,HLA-E,HLA-A,DDT,LTB,PTPRC,B2M,ZFP36
GO:0001819	Positive regulation of cytokine production	7	461	1.0	0.00088	CD74,HLA-E,HLA-A,DDT,LTB,PTPRC,B2M
GO:0001911	Negative regulation of leukocyte mediated cytotoxicity	5	20	2.21	4.65e-07	IL7R,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC
GO:0001914	Regulation of t cell mediated cytotoxicity	6	33	2.07	1.53e-07	IL7R,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0001915	Negative regulation of t cell mediated cytotoxicity	2	7	2.27	0.0073	IL7R,PTPRC
GO:0001916	Positive regulation of t cell mediated cytotoxicity	5	25	2.12	9.60e-07	HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0002250	Adaptive immune response	5	317	1.01	0.0097	CD74,HLA-E,HLA-A,HLA-B,ERAP2
GO:0002252	Immune effector process	8	969	0.73	0.0073	CD74,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M,IFITM2
GO:0002347	Response to tumor cell	2	10	2.12	0.0115	HLA-A, TXNP
GO:0002376	Immune system process	15	2481	0.6	0.00019	CD74,IL7R,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,ERAP2,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M,IFITM2
GO:0002474	Antigen processing and presentation of peptide antigen via mhc class i	5	96	1.53	0.00011	HLA-E,HLA-A,HLA-B,ERAP2,B2M
GO:0002477	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class Ib	2	3	2.64	0.0026	HLA-E,B2M
GO:0002478	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen	5	174	1.27	0.0011	CD74,HLA-E,HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0002479	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class i, tap-dependent	4	75	1.54	0.00059	HLA-E,HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0002480	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class i, tap-independent	4	8	2.51	1.50e-06	HLA-E,HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0002483	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen	5	18	2.26	4.19e-07	HLA-E,HLA-A,HLA-B,ERAP2,B2M
GO:0002486	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i via er pathway, tap-independent	2	3	2.64	0.0026	HLA-A,HLA-B
GO:0002520	Immune system development	8	652	0.9	0.00081	CD74,IL7R,JUN,HLA-E,LTB,PTPRC,KLF6,B2M
GO:0002521	Leukocyte differentiation	6	338	1.06	0.0016	CD74,IL7R,JUN,PTPRC,KLF6,B2M
GO:0002637	Regulation of immunoglobulin production	3	70	1.45	0.0135	NDPIP1,HLA-E,PTPRC
GO:0002682	Regulation of immune system process	15	1514	0.81	1.15e-06	CD74,NDPIP1,IL7R,FOS,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M,ZFP36
GO:0002683	Negative regulation of immune system process	11	450	1.2	1.70e-07	CD74,NDPIP1,IL7R,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,HLA-B,PTPRC,ZFP36
GO:0002684	Positive regulation of immune system process	9	949	0.79	0.0013	CD74,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0002697	Regulation of immune effector process	8	418	1.1	5.77e-05	CD74,NDPIP1,IL7R,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0002699	Positive regulation of immune effector process	6	223	1.24	0.00024	CD74,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0002700	Regulation of production of molecular mediator of immune response	6	152	1.41	4.36e-05	CD74,NDPIP1,HLA-E,HLA-A,PTPRC,B2M
GO:0002702	Positive regulation of production of molecular mediator of immune response	5	105	1.49	0.00015	CD74,HLA-E,HLA-A,PTPRC,B2M
GO:0002706	Regulation of lymphocyte mediated immunity	7	152	1.48	2.06e-06	NDPIP1,IL7R,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0002707	Negative regulation of lymphocyte mediated immunity	6	42	1.97	2.85e-07	NDPIP1,IL7R,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC
GO:0002720	Positive regulation of cytokine production involved in immune response	4	59	1.65	0.00047	CD74,HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0002726	Positive regulation of t cell cytokine production	2	29	1.81	0.0003	HLA-A,B2M
GO:0002761	Regulation of myeloid leukocyte differentiation	4	121	1.33	0.0041	CD74,NDPIP1,FOS,JUN
GO:0002763	Positive regulation of myeloid leukocyte differentiation	3	58	1.53	0.0092	CD74,FOS,JUN
GO:0002822	Regulation of adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin superfamily domains	7	150	1.48	1.98e-06	NDPIP1,IL7R,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0002823	Negative regulation of adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin superfamily domains	3	43	1.66	0.0048	NDPIP1,IL7R,PTPRC
GO:0002889	Regulation of immunoglobulin mediated immune response	3	56	1.54	0.0086	NDPIP1,HLA-E,PTPRC
GO:0006950	Response to stress	17	3485	0.5	0.00040	CD74,FOS,UCP2,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,PTPRC,IL32,B2M, TXNP,ZFP36,IFITM2
GO:0006952	Defense response	12	1296	0.78	6.37e-05	CD74,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,PTPRC,IL32,B2M,IFITM2
GO:0006955	Immune response	13	1588	0.73	6.56e-05	CD74,IL7R,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,ERAP2,LTB,PTPRC,IL32,B2M,IFITM2
GO:0007165	Signal transduction	18	4876	0.38	0.0049	CD74,FAM13A,SCGB3A1,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,PTPRC,IL32,B2M, TXNP,ZFP36,IFITM2
GO:0007166	Cell surface receptor signaling pathway	15	2325	0.62	9.79e-05	CD74,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,PTPRC,IL32,B2M, TXNP,IFITM2
GO:0009005	Response to external stimulus	13	2310	0.66	0.0019	FOS,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,PTPRC,B2M, TXNP,ZFP36,IFITM2
GO:0009007	Response to biotic stimulus	12	1289	0.78	6.16e-05	FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M, TXNP,ZFP36,IFITM2
GO:0009612	Response to mechanical stimulus	4	212	1.09	0.0209	FOS,FOS,JUN, TXNP
GO:0009617	Response to bacterium	7	634	0.86	0.0043	FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,HLA-B,B2M,ZFP36
GO:0009893	Positive regulation of metabolic process	17	3893	0.45	0.0014	CD74,FOSB,NDPIP1,IL7R,FOS,UCP2,JUN,HLA-E,HLA-A,DDT,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M,IER2,ZFP36
GO:0009897	Cellular process	30	15024	0.11	0.0235	CD74,FOSB,NDPIP1,FAM13A,SCGB3A1,IL7R,FOS,UCP2, TAGLN2,PPDPF,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,IFITM3,IFITM1,HLA-B,ERAP2,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M, TXNP,IER2,ZFP36,NSA2,IFITM2
GO:0010033	Response to organic substance	17	3011	0.57	7.03e-05	CD74,FOSB,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,PTPRC,IL32,B2M, TXNP,IER2,ZFP36,IFITM2
GO:0010038	Response to metal ion	5	367	0.95	0.0151	FOSB,FOS,JUN,B2M, TXNP
GO:0010468	Regulation of gene expression	20	4813	0.43	0.00029	CD74,FOSB,NDPIP1,IL7R,FOS,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,HLA-B,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M, TXNP,IER2,ZFP36
GO:0010604	Positive regulation of macromolecule metabolic process	16	3600	0.46	0.0023	CD74,FOSB,NDPIP1,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,DDT,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M,IER2,ZFP36
GO:0010628	Positive regulation of gene expression	15	2337	0.62	0.00010	CD74,FOSB,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,DDT,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M,IER2,ZFP36
GO:0016045	Detection of bacterium	2	16	1.91	0.0224	HLA-A,HLA-B
GO:0016221	Cytokine-mediated signaling pathway	12	676	1.66	4.15e-07	CD74,IL7R,FOS,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,IL32,B2M,IFITM2
GO:0019222	Regulation of metabolic process	21	6948	0.29	0.0103	CD74,FOSB,NDPIP1,IL7R,FOS,UCP2,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,HLA-B,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M, TXNP,IER2,ZFP36
GO:0019731	Antibacterial humoral response	3	59	1.52	0.0096	HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0019883	Antigen processing and presentation of endogenous antigen	6	25	2.19	6.96e-08	CD74,HLA-E,HLA-A,HLA-B,ERAP2,B2M
GO:0019885	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i	4	10	2.42	2.47e-06	HLA-A,HLA-B,ERAP2,B2M
GO:0030098	Lymphocyte differentiation	5	242	1.13	0.0037	CD74,IL7R,PTPRC,KLF6,B2M
GO:0030217	T cell differentiation	4	142	1.26	0.0065	CD74,IL7R,PTPRC,B2M
GO:0031347	Regulation of defense response	6	674	0.76	0.0297	NDPIP1,HLA-E,HLA-A,DDT,HLA-B,PTPRC
GO:0031348	Negative regulation of defense response	5	212	1.19	0.0023	NDPIP1,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC
GO:0031953	Negative regulation of protein autophosphorylation	2	13	2.0	0.0162	JUN,PTPRC
GO:0032101	Regulation of response to external stimulus	7	1013	0.65	0.0406	CD74,NDPIP1,HLA-E,HLA-A,DDT,HLA-B,PTPRC
GO:0032102	Negative regulation of response to external stimulus	6	367	1.03	0.0023	NDPIP1,HLA-E,HLA-A,DDT,HLA-B,PTPRC
GO:0032570	Response to progesterone	3	45	1.64	0.0054	FOSB,FOS, TXNP
GO:0032680	Regulation of tumor necrosis factor production	4	152	1.23	0.0090	HLA-E,DDT,PTPRC,ZFP36
GO:0032703	Negative regulation of interleukin-2 production	2	23	1.75	0.0380	PTPRC,ZFP36
GO:0032760	Positive regulation of tumor necrosis factor production	3	88	1.35	0.0233	HLA-E,DDT,PTPRC
GO:0032897	Negative regulation of viral transcription	3	27	1.86	0.0017	JUN,IFITM3,ZFP36
GO:0033077	T cell differentiation in thymus	3	51	1.68	0.0070	CD74,PTPRC,B2M
GO:0033097	Response to cytokine	14	1101	0.92	4.19e-07	CD74,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,IL32,B2M,ZFP36,IFITM2
GO:0034341	Response to interferon-gamma	7	182	1.4	5.79e-06	HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,B2M,IFITM2
GO:0035455	Response to interferon-alpha	3	23	1.93	0.0012	IFITM3,IFITM1,IFITM2
GO:0035456	Response to interferon-beta	3	31	1.8	0.0023	IFITM3,IFITM1,IFITM2
GO:0035994	Response to muscle stretch	2	18	1.86	0.0267	FOS,JUN
GO:0036037	CD8-positive, alpha-beta T cell activation	2	12	2.04	0.0146	HLA-E,HLA-A
GO:0042110	T cell activation	6	243	1.21	0.00009	CD74,IL7R,HLA-E,HLA-A,PTPRC,B2M
GO:0042127	Regulation of cell population proliferation	12	1642	0.68	0.00048	CD74,NDPIP1,SCGB3A1,IL7R,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM1,PTPRC,B2M, TXNP,ZFP36
GO:0042129	Regulation of t cell proliferation	4	165	1.2	0.0101	NDPIP1,HLA-E,HLA-A,PTPRC
GO:0042270	Protection from natural killer cell mediated cytotoxicity	3	6	2.51	7.55e-05	HLA-E,HLA-A,HLA-B
GO:0044403	Symbiotic process	7	865	0.72	0.0191	JUN,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M,ZFP36
GO:0045059	Positive thymic t cell selection	2	11	2.07	0.0130	CD74,PTPRC
GO:0045060	Negative thymic t cell selection	2	11	2.07	0.0130	CD74,PTPRC
GO:0045071	Negative regulation of viral genome replication	3	61	1.51	0.0103	IFITM3,IFITM1,IFITM2
GO:0045321	Leukocyte activation	9	929	0.8	0.0011	CD74,IL7R,JUN,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,KLF6,B2M
GO:0045582	Positive regulation of t cell differentiation	3	89	1.34	0.0238	CD74,IL7R,PTPRC
GO:0045595	Regulation of cell differentiation	12	1874	0.62	0.0014	CD74,NDPIP1,SCGB3A1,IL7R,FOS,JUN,HIST1H4C,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M,ZFP36
GO:0045597	Positive regulation of cell differentiation	8	993	0.72	0.0085	CD74,SCGB3A1,IL7R,FOS,JUN,IFITM1,PTPRC,ZFP36
GO:0045691	Regulation of lymphocyte differentiation	4	176	1.17	0.0123	CD74,NDPIP1,IL7R,PTPRC
GO:0045637	Regulation of myeloid cell differentiation	7	260	1.24	4.36e-05	CD74,NDPIP1,FOS,JUN,HIST1H4C,B2M,ZFP36
GO:0045657	Positive regulation of monocyte differentiation	2	11	2.07	0.0130	CD74,JUN

GO:0046596	Regulation of viral entry into host cell	4	35	1.87	9.67e-05	CD74,IFITM3,IFITM1,IFITM2
GO:0046597	Negative regulation of viral entry into host cell	3	18	2.04	0.00074	IFITM3,IFITM1,IFITM2
GO:0046641	Positive regulation of alpha-beta T cell proliferation	3	21	1.97	0.0010	HLA-E,HLA-A,PTPRC
GO:0046649	Lymphocyte activation	7	390	1.07	0.00036	CD74,IL7R,HLA-E,HLA-A,PTPRC,KLF6,B2M
GO:0046686	Response to cadmium ion	3	63	1.49	0.0109	FOS, JUN, B2M
GO:0048002	Antigen processing and presentation of peptide antigen	6	191	1.31	0.00012	CD74,HLA-E,HLA-A,HLA-B,ERAP2,B2M
GO:0048302	Regulation of isotype switching to IgG isotypes	2	13	2.0	0.0182	NDFP1,PTPRC
GO:0048518	Positive regulation of biological process	21	6112	0.35	0.0019	CD74,FOSB,NDFP1,SCGB3A1,IL7R,FOS,UCP2,JUN,HLA-E,HLA-A,DDT,IFITM1,HLA-B,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0048519	Negative regulation of biological process	20	5389	0.38	0.0013	CD74,FOSB,NDFP1,SCGB3A1,IL7R,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,IFITM3,IFITM1,HLA-B,PTPRC,IL32,B2M, TXNIP,ZFP36,IFITM2
GO:0048522	Positive regulation of cellular process	18	5579	0.32	0.0212	CD74,FOSB,NDFP1,SCGB3A1,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,DDT,IFITM1,HLA-B,PTPRC,KLF6,B2M, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0048523	Negative regulation of cellular process	17	4874	0.36	0.0147	CD74,FOSB,NDFP1,SCGB3A1,IL7R,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M, TXNIP,ZFP36
GO:0048525	Negative regulation of viral process	6	105	1.57	7.03e-06	JUN,IFITM3,IFITM1,IL32,ZFP36,IFITM2
GO:0048534	Hematopoietic or lymphoid organ development	7	619	0.87	0.0038	CD74,IL7R,JUN,LTB,PTPRC,KLF6,B2M
GO:0048535	Lymph node development	2	18	1.86	0.0267	IL7R,LTB
GO:0050670	Regulation of lymphocyte proliferation	5	218	1.17	0.0024	CD74,NDFP1,HLA-E,HLA-A,PTPRC
GO:0050671	Positive regulation of lymphocyte proliferation	4	134	1.29	0.0055	CD74,HLA-E,HLA-A,PTPRC
GO:0050776	Regulation of immune response	11	896	0.9	1.81e-05	CD74,NDFP1,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0050777	Negative regulation of immune response	6	154	1.41	4.49e-05	NDFP1,IL7R,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC
GO:0050778	Positive regulation of immune response	6	607	0.81	0.0194	CD74,HLA-E,HLA-A,HLA-B,PTPRC,B2M
GO:0050792	Regulation of viral process	7	215	1.33	1.47e-05	CD74,JUN,IFITM3,IFITM1,IL32,ZFP36,IFITM2
GO:0050830	Defense response to gram-positive bacterium	3	119	1.22	0.0472	HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0050853	Regulation of T cell activation	6	329	1.08	0.0014	CD74,NDFP1,IL7R,HLA-E,HLA-A,PTPRC
GO:0050870	Positive regulation of T cell activation	5	209	1.19	0.0021	CD74,IL7R,HLA-E,HLA-A,PTPRC
GO:0050896	Response to stimulus	24	8046	0.29	0.0021	CD74,FOSB,FAM13A,SCGB3A1,IL7R,FOS,UCP2,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,ERAP2,LTB,PTPRC,IL32,B2M, TXNIP,IER2,ZFP36,IFITM2
GO:0051094	Positive regulation of developmental process	9	1389	0.63	0.0128	CD74,SCGB3A1,IL7R,FOS,JUN,IFITM1,PTPRC,B2M,ZFP36
GO:0051239	Regulation of multicellular organismal process	16	3227	0.51	0.00074	CD74,NDFP1,IL7R,FOS,UCP2,JUN,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,IFITM1,HLA-B,LTB,PTPRC,B2M,ZFP36
GO:0051240	Positive regulation of multicellular organismal process	12	1770	0.65	0.00091	CD74,IL7R,FOS,UCP2,JUN,HLA-E,HLA-A,DDT,IFITM1,LTB,PTPRC,B2M
GO:0051412	Response to corticosterone	2	20	1.81	0.0303	FOSB,FOS
GO:0051591	Response to camp	3	98	1.3	0.0293	FOSB,FOS,JUN
GO:0051592	Response to calcium ion	4	150	1.24	0.0076	FOSB,FOS,JUN, TXNIP
GO:0051607	Defense response to virus	4	210	1.09	0.0204	IFITM3,IFITM1,PTPRC,IFITM2
GO:0051707	Response to other organism	11	1256	0.76	0.00029	FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M,ZFP36,IFITM2
GO:0051716	Cellular response to stimulus	20	6489	0.3	0.0132	CD74,FOSB,FAM13A,SCGB3A1,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,PTPRC,IL32,B2M, TXNIP,ZFP36,IFITM2
GO:0060333	Interferon-gamma-mediated signaling pathway	4	70	1.57	0.00081	HLA-E,HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0060337	Type I interferon signaling pathway	6	67	1.77	1.15e-06	HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,IFITM2
GO:0060007	Biological regulation	27	12171	0.16	0.0406	CD74,FOSB,NDFP1,FAM13A,SCGB3A1,IL7R,FOS,UCP2,JUN,TSC22D3,HLA-E,HIST1H4C,HLA-A,DDT,IFITM3,IFITM1,HLA-B,ERAP2,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M, TXNIP,IER2,ZFP36,IFITM2
GO:0065009	Regulation of molecular function	16	4913	0.33	0.0485	CD74,FOSB,NDFP1,FAM13A,SCGB3A1,FOS,JUN,TSC22D3,LTB,PTPRC,KLF6,IL32,B2M, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0070229	Negative regulation of lymphocyte apoptotic process	3	31	1.8	0.0023	CD74,IL7R,TSC22D3
GO:0070233	Negative regulation of T cell apoptotic process	2	20	1.81	0.0303	IL7R,TSC22D3
GO:0070374	Positive regulation of erk1 and erk2 cascade	4	209	1.1	0.0201	CD74,JUN,DDT,PTPRC
GO:0071248	Cellular response to metal ion	4	193	1.13	0.0154	FOSB,FOS,JUN,B2M
GO:0071277	Cellular response to calcium ion	3	85	1.36	0.0214	FOSB,FOS,JUN
GO:0071310	Cellular response to organic substance	15	2369	0.62	0.00012	CD74,FOSB,IL7R,FOS,JUN,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,IL32,B2M,ZFP36,IFITM2
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	13	1013	0.92	1.15e-06	CD74,IL7R,FOS,HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,LTB,IL32,B2M,ZFP36,IFITM2
GO:008542	Defense response to other organism	8	900	0.76	0.0049	HLA-E,HLA-A,IFITM3,IFITM1,HLA-B,PTPRC,B2M,IFITM2
GO:1902105	Regulation of leukocyte differentiation	7	285	1.2	6.73e-05	CD74,NDFP1,IL7R,FOS,JUN,HLA-B,PTPRC
GO:1902107	Positive regulation of leukocyte differentiation	5	156	1.32	0.00074	CD74,IL7R,FOS,JUN,PTPRC
GO:1903037	Regulation of leukocyte cell-cell adhesion	6	315	1.09	0.0012	CD74,NDFP1,IL7R,HLA-E,HLA-A,PTPRC
GO:1903706	Regulation of hemopoiesis	10	493	1.12	1.50e-06	CD74,NDFP1,IL7R,FOS,JUN,HIST1H4C,HLA-B,PTPRC,B2M,ZFP36
GO:1903900	Regulation of viral life cycle	5	153	1.33	0.00669	CD74,IFITM3,IFITM1,IL32,IFITM2
GO:1903901	Negative regulation of viral life cycle	4	86	1.48	0.0014	IFITM3,IFITM1,IL32,IFITM2
GO:2005566	Positive regulation of cd8-positive, alpha-beta T cell proliferation	2	4	2.51	0.0037	HLA-E,HLA-A

Tabla 16. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células TCM de pacientes GCA activos versus pacientes en remisión.

Identificador	Descripción	Número de genes enriquecidos	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0019885	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i	4	10	2.35	0.00011	HLA-A,HLA-B,ERAP2,B2M
GO:0006955	Immune response	14	1588	0.69	0.00084	SLC2A3,LGALS1,S100A11,CRIP1,GPR183,ANXA1,RCGC,HLA-A,HLA-B,ERAP2,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	10	678	0.92	0.00084	SOCS3,PLP2,ANXA1,HLA-A,HLA-B,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0002480	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class I, tap-independent	3	8	2.32	0.0018	HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0002682	Regulation of immune system process	13	1514	0.68	0.0018	LGALS1,KLRB1,DUSP1,H3F3B,SOCS3,TSC22D3,GPR183,ANXA1,HIST1H4C,RCGC,HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	11	1013	0.78	0.0018	DUSP1,SOCS3,PLP2,ANXA1,HLA-A,HLA-B,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0002376	Immune system process	16	2481	0.56	0.0024	SLC2A3,LGALS1,S100A11,CRIP1,GPR183,ANXA1,RCGC,HLA-A,HLA-B,ERAP2,LTB,KLF6,CRIP2,IL32,VIM,B2M
GO:0001775	Cell activation	10	1075	0.72	0.0156	SLC2A3,LGALS1,S100A11,GPR183,ANXA1,RCGC,HLA-A,HLA-B,KLF6,B2M
GO:0001916	Positive regulation of t cell mediated cytotoxicity	3	25	1.83	0.0174	HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0050896	Response to stimulus	27	8046	0.27	0.0174	SLC2A3,PPP1R15A,LGALS1,KLRB1,DUSP1,DNAJB1,H3F3B,S100A11,BTG2,ARHGAP15,SOCS3,CRIP1,S100A10,TSC22D3,PLP2,GPR183,ANXA1,HIST1H4C,RCGC,HLA-A,HLA-B,ERAP2,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0002486	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i er pathway, tap-independent	2	3	2.57	0.0266	HLA-A,HLA-B
GO:0002824	Positive regulation of adaptive immune response based on somatic recombination of immune receptors built from immunoglobulin superfamily domains	4	101	1.35	0.0266	ANXA1,HLA-A,HLA-B,B2M
GO:0006950	Response to stress	17	3485	0.44	0.0266	PPP1R15A,LGALS1,DUSP1,DNAJB1,H3F3B,BTG2,CRIP1,TSC22D3,ANXA1,HIST1H4C,RCGC,HLA-A,HLA-B,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0045321	Leukocyte activation	9	929	0.73	0.0266	SLC2A3,LGALS1,S100A11,GPR183,ANXA1,HLA-A,HLA-B,KLF6,B2M
GO:0045595	Regulation of cell differentiation	12	1874	0.55	0.0360	LGALS1,H3F3B,SOCS3,S100A10,GPR183,ANXA1,HIST1H4C,RCGC,MYADM,HLA-B,VIM,B2M
GO:0046649	Lymphocyte activation	6	390	0.93	0.0361	LGALS1,GPR183,ANXA1,HLA-A,KLF6,B2M
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	15	2919	0.48	0.0361	LGALS1,DUSP1,SOCS3,CRIP1,PLP2,GPR183,ANXA1,RCGC,HLA-A,HLA-B,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0030098	Lymphocyte differentiation	5	242	1.06	0.0374	LGALS1,GPR183,ANXA1,KLF6,B2M
GO:0042270	Protection from natural killer cell mediated cytotoxicity	2	6	2.27	0.0426	HLA-A,HLA-B
GO:0010033	Response to organic substance	15	3011	0.44	0.0459	LGALS1,DUSP1,DNAJB1,BTG2,SOCS3,CRIP1,PLP2,ANXA1,HLA-A,HLA-B,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0048534	Hematopoietic or lymphoid organ development	7	619	0.8	0.0459	LGALS1,GPR183,ANXA1,LTB,KLF6,CRIP2,B2M

Tabla 17. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células GZMK+ de pacientes GCA activos versus pacientes en remisión.

Identificador	Descripción	Número de genes observado	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0002376	Immune system process	17	2481	0.65	0.00017	SLC2A3,KLF2,LGALS3,COTL1,IL27RA,CCND3,HLA-C,FTL,RGCC,ETS1,ERAP2,LTB,KLF6,IL32,VIM,B2M,CCL5
GO:0006955	Immune response	14	1588	0.76	0.00017	SLC2A3,LGALS3,COTL1,IL27RA,HLA-C,FTL,RGCC,ETS1,ERAP2,LTB,IL32,VIM,B2M,CCL5
GO:0019885	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i	3	10	2.29	0.0039	HLA-C,ERAP2,B2M
GO:0001775	Cell activation	10	1075	0.78	0.0091	SLC2A3,LGALS3,COTL1,CCND3,HLA-C,FTL,RGCC,KLF6,B2M,CCL5
GO:0034097	Response to cytokine	10	1101	0.77	0.0091	DUSP1,KLF2,IL27RA,HLA-C,ETS1,LTB,IL32,VIM,B2M,CCL5
GO:0045321	Leukocyte activation	9	929	0.8	0.0134	SLC2A3,LGALS3,COTL1,CCND3,HLA-C,FTL,KLF6,B2M,CCL5
GO:0006950	Response to stress	16	3485	0.48	0.0140	PPP1R15A,DUSP1,KLF2,LGALS3,H3F3B,COTL1,IL27RA,HLA-C,DNAJC15,RGCC,ETS1,IL32,VIM,B2M,TXNIP,CCL5
GO:0042119	Neutrophil activation	7	497	0.96	0.0140	SLC2A3,LGALS3,COTL1,HLA-C,FTL,B2M,CCL5
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	9	1013	0.76	0.0156	DUSP1,KLF2,IL27RA,HLA-C,LTB,IL32,VIM,B2M,CCL5
GO:0050896	Response to stimulus	24	8046	0.29	0.0162	SLC2A3,PPP1R15A,KLRB1,DUSP1,KLF2,LGALS3,H3F3B,COTL1,IL27RA,CCND3,HLA-C,FTL,DNAJC15,RGCC,ETS1,ERAP2,LTB,GSTK1,IL32,VIM,B2M,TXNIP,CCL5,PTGES3
GO:0042542	Response to hydrogen peroxide	4	119	1.34	0.0306	DUSP1,KLF2,ETS1,TXNIP
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	14	2919	0.5	0.0306	DUSP1,KLF2,LGALS3,IL27RA,HLA-C,RGCC,ETS1,LTB,GSTK1,IL32,VIM,B2M,CCL5,PTGES3
GO:0002682	Regulation of immune system process	10	1514	0.63	0.0420	KLRB1,DUSP1,LGALS3,H3F3B,IL27RA,HLA-C,RGCC,ETS1,B2M,CCL5
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	7	678	0.83	0.0445	IL27RA,HLA-C,LTB,IL32,VIM,B2M,CCL5

Tabla 18. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en **Tregs de pacientes GCA activos versus pacientes en remisión**

Identificador	Descripción	Número de genes observado	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0001775	Cell activation	6	1075	0.83	0.0234	LGALS3,HLA-C,HLA-E,RGCC,HLA-A,B2M
GO:0001817	Regulation of cytokine production	7	742	1.06	0.00070	BTN3A2,HLA-E,RGCC,HLA-A,DDT,LTB,B2M
GO:0001819	Positive regulation of cytokine production	6	461	1.2	0.00079	HLA-E,RGCC,HLA-A,DDT,LTB,B2M
GO:0001916	Positive regulation of t cell mediated cytotoxicity	3	25	2.17	0.00093	HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0002250	Adaptive immune response	5	317	1.29	0.0022	BTN3A2,HLA-C,HLA-E,HLA-A,ERAP2
GO:0002252	Immune effector process	6	969	0.88	0.0163	LGALS3,BTN3A2,HLA-C,RGCC,HLA-A,B2M
GO:0002376	Immune system process	12	2481	0.77	3.15e-05	LGALS3,BTN3A2,HLA-C,HLA-E,RGCC,HLA-A,ERAP2,LTB,CRIP2,IL32,VIM,B2M
GO:0002443	Leukocyte mediated immunity	5	641	0.98	0.0216	LGALS3,BTN3A2,HLA-C,HLA-A,B2M
GO:0002474	Antigen processing and presentation of peptide antigen via mhc class i	5	96	1.8	2.53e-05	HLA-C,HLA-E,HLA-A,ERAP2,B2M
GO:0002477	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class ib	2	3	2.91	0.0030	HLA-E,B2M
GO:0002479	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class i, tap-dependent	4	75	1.81	0.00037	HLA-C,HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0002480	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class i, tap-independent	4	8	2.79	6.28e-07	HLA-C,HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0002483	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen	5	18	2.53	7.81e-08	HLA-C,HLA-E,HLA-A,ERAP2,B2M
GO:0002486	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i via er pathway, tap-independent	2	3	2.91	0.0030	HLA-C,HLA-A
GO:0002682	Regulation of immune system process	8	1514	0.81	0.0038	LGALS3,BTN3A2,HLA-C,HLA-E,RGCC,HLA-A,DDT,B2M
GO:0002684	Positive regulation of immune system process	6	949	0.89	0.0149	LGALS3,BTN3A2,HLA-E,RGCC,HLA-A,B2M
GO:0002697	Regulation of immune effector process	4	418	1.07	0.0450	LGALS3,HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0002698	Negative regulation of immune effector process	3	125	1.47	0.0239	LGALS3,HLA-E,HLA-A
GO:0002720	Positive regulation of cytokine production involved in immune response	3	59	1.79	0.0056	HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0002726	Positive regulation of t cell cytokine production	2	20	2.09	0.0239	HLA-A,B2M
GO:0006952	Defense response	7	1296	0.82	0.0092	LGALS3,HLA-C,HLA-E,HLA-A,IL32,VIM,B2M
GO:0006955	Immune response	11	1588	0.93	6.63e-06	LGALS3,BTN3A2,HLA-C,HLA-E,RGCC,HLA-A,ERAP2,LTB,IL32,VIM,B2M
GO:0006959	Humoral immune response	5	275	1.35	0.0013	LGALS3,HLA-E,RGCC,HLA-A,B2M
GO:0007165	Signal transduction	12	4876	0.48	0.0092	LGALS3,BTN3A2,HLA-C,PLP2,HLA-E,RGCC,HLA-A,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0007166	Cell surface receptor signaling pathway	10	2325	0.72	0.0013	BTN3A2,HLA-C,PLP2,HLA-E,HLA-A,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0010628	Positive regulation of gene expression	9	2337	0.67	0.0074	HLA-E,RGCC,HLA-A,DDT,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0016032	Viral process	6	776	0.98	0.0069	HLA-C,HLA-E,HLA-A,UBC,VIM,B2M
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	9	678	1.21	1.80e-06	HLA-C,PLP2,HLA-E,HLA-A,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0019730	Antimicrobial humoral response	4	160	1.49	0.0034	LGALS3,HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0019731	Antibacterial humoral response	3	59	1.79	0.0056	HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0019885	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i	4	10	2.69	9.51e-07	HLA-C,HLA-A,ERAP2,B2M
GO:0022407	Regulation of cell-cell adhesion	4	424	1.06	0.0452	LGALS3,HLA-E,RGCC,HLA-A
GO:0032967	Positive regulation of collagen biosynthetic process	2	26	1.97	0.0357	RGCC,VIM
GO:0036037	CD8-positive, alpha-beta T cell activation	2	12	2.31	0.0125	HLA-E,HLA-A
GO:0042129	Regulation of t cell proliferation	3	165	1.35	0.0452	LGALS3,HLA-E,HLA-A
GO:0042270	Protection from natural killer cell mediated cytotoxicity	2	6	2.61	0.0056	HLA-E,HLA-A
GO:0045087	Innate immune response	6	703	1.02	0.0046	LGALS3,HLA-C,HLA-E,HLA-A,VIM,B2M
GO:0050776	Regulation of immune response	7	896	0.98	0.0018	LGALS3,BTN3A2,HLA-C,HLA-E,RGCC,HLA-A,B2M
GO:0050777	Negative regulation of immune response	3	154	1.38	0.0379	LGALS3,HLA-E,HLA-A
GO:0050778	Positive regulation of immune response	5	607	1.0	0.0179	BTN3A2,HLA-E,RGCC,HLA-A,B2M
GO:0050830	Defense response to gram-positive bacterium	3	119	1.49	0.0216	HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0051239	Regulation of multicellular organismal process	9	3227	0.53	0.0456	LGALS3,BTN3A2,HLA-E,RGCC,HLA-A,DDT,LTB,VIM,B2M
GO:0060333	Interferon-gamma-mediated signaling pathway	4	70	1.84	0.00033	HLA-C,HLA-E,HLA-A,B2M
GO:0060337	Type i interferon signaling pathway	3	67	1.74	0.0071	HLA-C,HLA-E,HLA-A
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	11	2919	0.66	0.0011	LGALS3,HLA-C,PLP2,HLA-E,RGCC,HLA-A,LTB,IL32,UBC,VIM,B2M
GO:0071346	Cellular response to interferon-gamma	5	161	1.58	0.00019	HLA-C,HLA-E,HLA-A,VIM,B2M

GO:2000566	Positive regulation of cd8-positive, alpha-beta t cell proliferation	2	4	2.79	0.0038	HLA-E,HLA-A
------------	----------------------------------------------------------------------	---	---	------	--------	-------------

Tabla 19. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en CTL de pacientes GCA en remisión versus controles sanos

Identificador	Descripción	Número de genes	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0002682	Regulation of immune system process	17	1514	0.7	0.00016	LGALS1,CTSC,SELL,RAC2,ZFP36L2,AQP3,CD3D,ACTB,CX3CR1,TSC22D3,HLA-C,CD99,ETS1,HLA-A,ITGB2,ACTG1,SPON2
GO:0006955	Immune response	17	1588	0.68	0.00016	LGALS1,CTSC,SELL,GNLY,FTH1,GZMA,CD3D,CX3CR1,IL2RG,HLA-C,ETS1,HLA-A,ITGB2,PRF1,LTB,ACTG1,SPON2
GO:0002376	Immune system process	20	2481	0.55	0.00042	LGALS1,CTSC,SELL,GNLY,FTH1,GZMA,ZFP36L2,CD3D,ACTB,CX3CR1,IL2RG,HLA-C,CD99,ETS1,HLA-A,ITGB2,PRF1,LTB,ACTG1,SPON2
GO:0002684	Positive regulation of immune system process	13	949	0.78	0.00042	LGALS1,CTSC,RAC2,AQP3,CD3D,ACTB,CX3CR1,CD99,ETS1,HLA-A,ITGB2,ACTG1,SPON2
GO:0001775	Cell activation	13	1075	0.73	0.0012	LGALS1,CTSC,SELL,FTH1,ZFP36L2,CD3D,ACTB,CLIC1,HLA-C,HLA-A,ITGB2,PRF1,ACTG1
GO:0001913	T cell mediated cytotoxicity	3	10	2.13	0.0064	CTSC,HLA-A,PRF1
GO:0045123	Cellular extravasation	4	42	1.63	0.0064	SELL,CX3CR1,CD99,ITGB2
GO:0002252	Immune effector process	11	969	0.7	0.0124	LGALS1,CTSC,SELL,FTH1,ACTB,HLA-C,HLA-A,ITGB2,PRF1,ACTG1,SPON2
GO:0007159	Leukocyte cell-cell adhesion	4	56	1.5	0.0140	SELL,RAC2,CX3CR1,ITGB2
GO:0034109	Homotypic cell-cell adhesion	4	57	1.49	0.0140	ACTB,CLIC1,CD99,ACTG1
GO:0098609	Cell-cell adhesion	8	505	0.85	0.0188	SELL,RAC2,ACTB,CX3CR1,CLIC1,CD99,ITGB2,ACTG1
GO:0034097	Response to cytokine	11	1101	0.65	0.0267	ZFP36L2,CX3CR1,IL2RG,HLA-C,ETS1,HLA-A,ITGB2,LTB,CFL1,UBC,ACTG1
GO:0050776	Regulation of immune response	10	896	0.7	0.0267	SELL,RAC2,CD3D,ACTB,HLA-C,CD99,HLA-A,ITGB2,ACTG1,SPON2
GO:0007155	Cell adhesion	10	925	0.68	0.0300	SELL,RAC2,ACTB,CX3CR1,CLIC1,CD99,ITGB2,GPR56,ACTG1,SPON2
GO:0045321	Leukocyte activation	10	929	0.68	0.0300	LGALS1,CTSC,SELL,FTH1,ZFP36L2,CD3D,HLA-C,HLA-A,ITGB2,PRF1
GO:0048518	Positive regulation of biological process	27	6112	0.29	0.0300	LGALS1,PFN1,CTSC,GZMK,RAC2,GZMA,ZFP36L2,AQP3,CD3D,ITM2C,ACTB,SERTAD1,CX3CR1,S100A4,IL2RG,CLIC1,CD99,ETS1,HLA-A,ITGB2,PRF1,LTB,CFL1,UBC,GPR56,ACTG1,SPON2
GO:0002486	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i via er pathway, tap-independent	2	3	2.47	0.0350	HLA-C,HLA-A
GO:0002418	Immune response to tumor cell	2	4	2.35	0.0449	HLA-A,PRF1
GO:0019835	Cytolysis	3	34	1.59	0.0449	GZMH,GZMA,PRF1
GO:0048584	Positive regulation of response to stimulus	15	2257	0.47	0.0449	LGALS1,CTSC,RAC2,CD3D,ITM2C,ACTB,CX3CR1,S100A4,ETS1,HLA-A,ITGB2,UBC,GPR56,ACTG1,SPON2
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	10	1013	0.64	0.0449	ZFP36L2,CX3CR1,IL2RG,HLA-C,HLA-A,ITGB2,LTB,CFL1,UBC,ACTG1
GO:0002443	Leukocyte mediated immunity	8	641	0.74	0.0456	CTSC,SELL,FTH1,HLA-C,HLA-A,ITGB2,PRF1,SPON2

Tabla 20. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células T naive de pacientes GCA en remisión versus controles sanos.

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	9	678	1.0	0.0018	NFKBIA,PIM1,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,LTB,IL32,B2M,IFITM2
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	10	1013	0.87	0.0023	NFKBIA,HSPA5,PIM1,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,LTB,IL32,B2M,IFITM2
GO:0006950	Response to stress	16	3485	0.54	0.0033	PPP1R15A,NFKBIA,DNAJB1,H3F3B,UCP2,HSPA5,PTPRCAP,CRIP1,TSC22D3,RGCC,HLA-A,IFITM3,IL32,B2M,TXNIP,IFITM2
GO:0010468	Regulation of gene expression	17	4813	0.42	0.0338	PPP1R15A,NFKBIA,DNAJB1,H3F3B,HSPA5,CRIP1,TSC22D3,PIM1,RGCC,TMSB4X,HLA-A,DDT,LTB,KLF6,IL32,B2M,TXNIP
GO:0006955	Immune response	10	1588	0.68	0.0427	FTH1,CRIP1,RGCC,YPEL5,HLA-A,IFITM3,LTB,IL32,B2M,IFITM2

Tabla 21. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células TCM de pacientes GCA en remisión comparados con controles sanos.

Identificador	Descripción	Número de genes	Número de genes	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:000302	Response to reactive oxygen species	6	198	1.08	0.0026	DUSP1,FOS,JUN,ANXA1, TXNIP, TNFAIP3
GO:0001775	Cell activation	11	1075	0.61	0.0073	CD74,SLC2A3,LGALS1,S100A11,FTH1,JUN,ANXA1, RGCC, YPEL5,HLA-A, KLF6
GO:0001817	Regulation of cytokine production	10	742	0.73	0.0030	CD74,SRGN,EZR,ANXA1, RGCC, TMSB4X,HLA-A,LTB,ZFP36, TNFAIP3
GO:0001818	Negative regulation of cytokine production	7	280	1.0	0.0019	SRGN,EZR,ANXA1, RGCC, TMSB4X,ZFP36, TNFAIP3
GO:0001933	Negative regulation of protein phosphorylation	7	411	0.83	0.0083	GADD45B,DUSP1,EZR,JUN,MYADM,CDKN1A, TNFAIP3
GO:0002252	Immune effector process	9	969	0.57	0.0345	CD74,SLC2A3,LGALS1,S100A11,FTH1, RGCC, YPEL5,HLA-A,IFITM3
GO:0002347	Response to tumor cell	2	10	1.9	0.0253	HLA-A, TXNIP
GO:0002376	Immune system process	18	2461	0.46	0.0033	CD74,SLC2A3,LGALS1,S100A11,FTH1,JUNB,CRIP1,JUN,ANXA1, RGCC, YPEL5,HLA-A,IFITM3,LTB, KLF6,IL32, UBC, VIM, TNFAIP3
GO:0002520	Immune system development	8	652	0.69	0.0165	CD74,LGALS1,JUNB,JUN,ANXA1,LTB, KLF6, TNFAIP3
GO:0002521	Leukocyte differentiation	6	338	0.85	0.0164	CD74,LGALS1,JUNB,JUN,ANXA1, KLF6
GO:0002682	Regulation of immune system process	16	1514	0.63	0.00027	CD74,LGALS1,NFKBIA,KLRB1,DUSP1,H3F3B,FOS,EZR,JUN, TSC22D3,ANXA1, RGCC,HLA-A,CDKN1A,ZFP36, TNFAIP3
GO:0002683	Negative regulation of immune system process	9	450	0.9	0.00070	CD74,NFKBIA,DUSP1,EZR, TSC22D3,ANXA1,HLA-A,ZFP36, TNFAIP3
GO:0002763	Positive regulation of myeloid leukocyte differentiation	3	58	1.31	0.0283	CD74,FOS,JUN
GO:0006355	Regulation of transcription, dna-templated	20	3388	0.37	0.0097	BIA,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN, TSC22D3, RGCC, TMSB4X,CDKN1A, KLF6, UBC, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:0006357	Regulation of transcription by rna polymerase ii	16	2172	0.47	0.0067	NFKBIA,DNAJB1,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN, TSC22D3, RGCC,CDKN1A, KLF6, UBC, TXNIP, ZFP36
GO:0006606	Protein import into nucleus	4	97	1.22	0.0113	NFKBIA,LMNA,CDKN1A, TXNIP
GO:0006810	Transport	22	4353	0.3	0.0241	IA,SRGN,S100A11,FTH1,TUBA1A,UCP2,HSPA5,EZR, TAGLN2,LMNA,S100A10, TSC22D3,PLP2,ANXA1, YPEL5, TMSB4X,CDKN1A, UBC, TXNIP, ZFP36
GO:0006915	Apoptotic process	11	918	0.68	0.0030	PPP1R15A,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,SRGN,CSRNP1,HSPA5,CRIP1,JUN,CDKN1A, TNFAIP3
GO:0006950	Response to stress	27	3485	0.49	9.15e-06	ISP1,DNAJB1,H3F3B,FOS,UCP2,HSPA5,PTPRCAP,CRIP1,NR4A2,LMNA,JUN, TSC22D3,ANXA1, RGCC,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,IL32, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:0006955	Immune response	14	1588	0.55	0.0042	CD74,SLC2A3,LGALS1,S100A11,FTH1,CRIP1,ANXA1, RGCC, YPEL5,HLA-A,IFITM3,LTB,IL32, VIM
GO:0006979	Response to oxidative stress	7	393	0.85	0.0071	DUSP1,FOS,NR4A2,JUN,ANXA1, TXNIP, TNFAIP3
GO:0007050	Cell cycle arrest	4	141	1.05	0.0283	PPP1R15A,DUSP1, RGCC,CDKN1A
GO:0007162	Negative regulation of cell adhesion	6	280	0.93	0.0083	CD74,LGALS1,DUSP1,ANXA1, RGCC, MYADM
GO:0007165	Signal transduction	30	4876	0.39	8.98e-05	RGNS100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,PLP2,ANXA1, RGCC, TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:0007166	Cell surface receptor signaling pathway	19	2325	0.51	0.00067	ID74,NFKBIA,KLRB1,CSRNP1,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,PLP2,ANXA1, TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32, UBC, VIM, TXNIP
GO:0007253	Cytoplasmic sequestering of nf-kappab	2	8	2.0	0.0199	NFKBIA, TMSB4X
GO:0007275	Multicellular organism development	25	5023	0.3	0.0118	USP1,SRGN,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,PPDPF,JUN,ANXA1,CDKN1A,LTB, KLF6, VIM, TXNIP, TNFAIP3
GO:0008104	Protein localization	15	2139	0.45	0.0135	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,SRGN,HSPA5,EZR,LMNA,S100A10,ANXA1, TMSB4X,MYADM,CDKN1A, UBC, TXNIP, TNFAIP3
GO:0008285	Negative regulation of cell population proliferation	8	696	0.66	0.0225	DUSP1,S100A11,FTH1,LMNA,JUN, RGCC,CDKN1A, TNFAIP3
GO:0009266	Response to temperature stimulus	4	170	0.97	0.0461	NFKBIA,FOS,UCP2,CDKN1A
GO:0009314	Response to radiation	8	431	0.87	0.0027	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,JUN,ANXA1,CDKN1A
GO:0009409	Response to cold	3	48	1.4	0.0201	NFKBIA,FOS,UCP2
GO:0009605	Response to external stimulus	16	2310	0.44	0.0105	NFKBIA,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,PLP2,ANXA1,HLA-A,IFITM3,CDKN1A, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:0009607	Response to biotic stimulus	12	1289	0.57	0.0076	NFKBIA,JUNB,FOS,HSPA5,JUN,ANXA1,HLA-A,IFITM3, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:0009612	Response to mechanical stimulus	5	212	0.97	0.0163	NFKBIA,JUNB,FOS,JUN, TXNIP
GO:0009617	Response to bacterium	8	634	0.7	0.0143	NFKBIA,JUNB,FOS,JUN,HLA-A, VIM, ZFP36, TNFAIP3
GO:0009628	Response to abiotic stimulus	16	1147	0.75	1.57e-05	NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,UCP2,HSPA5,CRIP1,NR4A2,LMNA,JUN, TSC22D3,ANXA1, RGCC,CDKN1A, UBC, TXNIP
GO:0009719	Response to endogenous stimulus	13	1447	0.55	0.0060	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1,CDKN1A, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36
GO:0009725	Response to hormone	9	849	0.63	0.0181	DUSP1,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,ANXA1,CDKN1A, TXNIP, ZFP36
GO:0009888	Tissue development	15	1760	0.53	0.0033	DUSP1,SRGN,JUNB,FOS,CRIP1,EZR, TAGLN2,LMNA,S100A4,JUN,ANXA1,MYADM,CDKN1A, VIM, TXNIP
GO:0009893	Positive regulation of metabolic process	25	3893	0.41	0.00058	B,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,UCP2,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,ANXA1, RGCC, TMSB4X,HLA-A,CDKN1A,LTB, KLF6,IL32, UBC, VIM, ZFP36, TNFAIP3
GO:0009968	Negative regulation of signal transduction	12	1271	0.58	0.0071	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA, TMSB4X,MYADM, UBC, TNFAIP3
GO:0009987	Cellular process	47	15024	0.1	0.0211	SRNP1,FTH1,TUBA1A,JUNB,FOS,UCP2,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR, TAGLN2,LMNA,S100A4,S100A10,PPDPF,JUN, TSC22D3,PLP2,ANXA1, RGCC, YPEL5, TMSB4X,MYADM,CDKN1A,LTB, KLF6,IL32, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:010033	Response to organic substance	26	3011	0.54	3.75e-06	SP1,DNAJB1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,PLP2,ANXA1, TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:010035	Response to inorganic substance	9	538	0.82	0.0019	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,JUN,ANXA1, TXNIP, TNFAIP3
GO:010038	Response to metal ion	7	367	0.88	0.0056	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,JUN, TXNIP
GO:010243	Response to organonitrogen compound	12	987	0.69	0.0015	NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1,CDKN1A, VIM, TNFAIP3
GO:010468	Regulation of gene expression	30	4813	0.4	7.89e-05	F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,JUN, TSC22D3,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM,HLA-A,CDKN1A,LTB, KLF6,IL32, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:010557	Positive regulation of macromolecule biosynthetic process	13	1906	0.44	0.0352	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN, RGCC, KLF6, UBC, VIM
GO:010604	Positive regulation of macromolecule metabolic process	23	3600	0.41	0.0015	GADD45B,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,ANXA1, RGCC,HLA-A,CDKN1A,LTB, KLF6,IL32, UBC, VIM, ZFP36, TNFAIP3
GO:010605	Negative regulation of macromolecule metabolic process	20	2875	0.44	0.0021	D45B,DUSP1,SRGN,DNAJB1,H3F3B,S100A11,JUNB,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM,CDKN1A, UBC, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:010628	Positive regulation of gene expression	20	2337	0.53	0.00020	74,PPP1R15A,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,ANXA1, RGCC,HLA-A,LTB, KLF6,IL32, UBC, VIM, ZFP36
GO:010629	Negative regulation of gene expression	16	2014	0.5	0.0035	SRGN,DNAJB1,H3F3B,JUNB,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM,CDKN1A, UBC, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:010646	Regulation of cell communication	19	3514	0.33	0.0292	1R15A,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,DUSP1,SRGN,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,JUN,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM, UBC, TNFAIP3
GO:010648	Negative regulation of cell communication	14	1382	0.61	0.0015	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,SRGN,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA, RGCC, TMSB4X,MYADM, UBC, TNFAIP3
GO:010941	Regulation of cell death	18	1696	0.63	7.89e-05	GADD45B,LGALS1,NFKBIA,DUSP1,FOS,HSPA5,NR4A2,LMNA,JUN, TSC22D3,ANXA1, RGCC,CDKN1A, UBC, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:010942	Positive regulation of cell death	9	719	0.7	0.0079	GADD45B,DUSP1,FOS,JUN,ANXA1, RGCC,CDKN1A, UBC, TXNIP
GO:0114070	Response to organic cyclic compound	13	911	0.76	0.00019	LGALS1,NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1,CDKN1A, TXNIP, ZFP36
GO:0119219	Regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	23	3982	0.36	0.0046	H1,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN, TSC22D3, RGCC, TMSB4X,CDKN1A, KLF6, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:0119221	Cytokine-mediated signaling pathway	14	678	0.92	3.74e-06	CD74,NFKBIA,JUNB,FOS,PLP2,ANXA1, TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32, UBC, VIM
GO:0119222	Regulation of metabolic process	34	6948	0.29	0.00067	3F3B,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,UCP2,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,JUN, TSC22D3,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM,HLA-A,CDKN1A,LTB, KLF6,IL32, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:022407	Regulation of cell-cell adhesion	6	424	0.75	0.0360	CD74,LGALS1,ANXA1, RGCC,MYADM,HLA-A
GO:023051	Regulation of signaling	19	3553	0.33	0.0325	1R15A,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,DUSP1,SRGN,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,JUN,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM, UBC, TNFAIP3
GO:023057	Negative regulation of signaling	14	1385	0.61	0.0015	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,SRGN,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA, RGCC, TMSB4X,MYADM, UBC, TNFAIP3
GO:030154	Cell differentiation	20	3702	0.33	0.0026	.DD45B,LGALS1,H3F3B,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR, TAGLN2,LMNA,S100A4,PPDPF,JUN,ANXA1,MYADM,CDKN1A, KLF6, VIM, TXNIP
GO:030155	Regulation of cell adhesion	8	712	0.65	0.0246	CD74,LGALS1,DUSP1,S100A10,ANXA1, RGCC,MYADM,HLA-A
GO:030334	Regulation of cell migration	10	865	0.66	0.0067	CD74,DUSP1,S100A11,HSPA5,LMNA,JUN,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM
GO:030335	Positive regulation of cell migration	7	522	0.73	0.0224	CD74,S100A11,HSPA5,JUN,ANXA1, TMSB4X,MYADM
GO:030522	Intracellular receptor signaling pathway	4	166	0.98	0.0432	NFKBIA,NR4A2, UBC, TNFAIP3
GO:030855	Epithelial cell differentiation	8	673	0.68	0.0190	EZR, TAGLN2,JUN,ANXA1,MYADM,CDKN1A, VIM, TXNIP
GO:031323	Regulation of cellular metabolic process	28	6239	0.25	0.0181	DNAJB1,H3F3B,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN, TSC22D3,ANXA1, RGCC, TMSB4X,MYADM,CDKN1A, KLF6, UBC, VIM, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:031324	Negative regulation of cellular metabolic process	16	2630	0.39	0.0283	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DNAJB1,H3F3B,S100A11,JUNB,NR4A2,EZR,JUN,MYADM,CDKN1A, UBC, TXNIP, ZFP36, TNFAIP3
GO:031325	Positive regulation of cellular metabolic process	21	3413	0.39	0.0047	5A,GADD45B,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,ANXA1, RGCC, TMSB4X,CDKN1A, KLF6, UBC, VIM, ZFP36, TNFAIP3

GO:0031326	Regulation of cellular biosynthetic process	25	4125	0.38	0.0013	P1,DNAJB1,H3F3B,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,TSC22D3,ANXA1,RGCC,TMSB4X,CDKN1A,KLF6,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0031328	Positive regulation of cellular biosynthetic process	15	2005	0.48	0.0083	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,ANXA1,RGCC,TMSB4X,KLF6,UBC,VIM
GO:0031394	Positive regulation of prostaglandin biosynthetic process	2	7	2.06	0.0171	CD74,ANXA1
GO:0031399	Regulation of protein modification process	13	1870	0.44	0.0310	CD74,PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,HSPA5,EZR,LMNA,JUN,RGCC,MYADM,CDKN1A,UBC,TNFAIP3
GO:0031400	Negative regulation of protein modification process	8	602	0.72	0.0115	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,EZR,JUN,MYADM,CDKN1A,TNFAIP3
GO:0031668	Cellular response to extracellular stimulus	5	236	0.93	0.0226	FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,CDKN1A
GO:0032268	Regulation of cellular protein metabolic process	16	2693	0.38	0.0340	CD74,PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,HSPA5,EZR,LMNA,JUN,RGCC,MYADM,CDKN1A,UBC,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0032270	Positive regulation of cellular protein metabolic process	13	1635	0.5	0.0129	CD74,PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,HSPA5,EZR,LMNA,JUN,RGCC,CDKN1A,UBC,VIM,TNFAIP3
GO:0032495	Response to muramyl dipeptide	3	20	1.78	0.0043	NFKBIA,VIM,TNFAIP3
GO:0032496	Response to lipopolysaccharide	7	313	0.95	0.0030	NFKBIA,JUNB,FOS,JUN,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0032507	Maintenance of protein location in cell	3	64	1.27	0.0346	SRGN,HSPA5,TMSB4X
GO:0032663	Regulation of interleukin-2 production	4	56	1.46	0.0030	EZR,ANXA1,ZFP36,TNFAIP3
GO:0032677	Regulation of interleukin-8 production	3	76	1.2	0.0492	CD74,ANXA1,TMSB4X
GO:0032703	Negative regulation of interleukin-2 production	3	23	1.72	0.0056	EZR,ZFP36,TNFAIP3
GO:0032870	Cellular response to hormone stimulus	7	569	0.69	0.0306	DUSP1,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,ANXA1,ZFP36
GO:0032897	Negative regulation of viral transcription	3	27	1.65	0.0071	JUN,IFITM3,ZFP36
GO:0033036	Macromolecule localization	16	2473	0.41	0.0178	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,SRGN,HSPA5,EZR,LMNA,S100A10,ANXA1,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,UBC,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0033365	Protein localization to organelle	9	743	0.68	0.0094	PPP1R15A,NFKBIA,SRGN,HSPA5,LMNA,CDKN1A,UBC,TXNIP,TNFAIP3
GO:0033554	Cellular response to stress	15	1725	0.54	0.0030	PPP1R15A,NFKBIA,DNAJB1,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,CDKN1A,UBC,ZFP36,TNFAIP3
GO:0033993	Response to lipid	12	858	0.75	0.00054	NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,NR4A2,JUN,ANXA1,CDKN1A,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0034097	Response to cytokine	18	1101	0.81	9.83e-07	CD74,NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,JUN,PLP2,ANXA1,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,ZFP36
GO:0034599	Cellular response to oxidative stress	5	244	0.91	0.0246	FOS,NR4A2,JUN,ANXA1,TNFAIP3
GO:0034613	Cellular protein localization	14	1610	0.54	0.0046	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,SRGN,HSPA5,EZR,LMNA,S100A10,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,UBC,TXNIP,TNFAIP3
GO:0034614	Cellular response to reactive oxygen species	4	133	1.08	0.0246	FOS,JUN,ANXA1,TNFAIP3
GO:0035994	Response to muscle stretch	3	18	1.82	0.0035	NFKBIA,FOS,JUN
GO:0042127	Regulation of cell population proliferation	15	1642	0.56	0.0019	CD74,NFKBIA,DUSP1,S100A11,FTH1,JUNB,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,HLA-A,CDKN1A,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0042221	Response to chemical	28	4333	0.41	0.00011	UBJ1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,S100A10,JUN,PLP2,ANXA1,RGCC,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0042493	Response to drug	7	281	1.0	0.0019	LGALS1,JUNB,HSPA5,S100A10,JUN,ANXA1,CDKN1A
GO:0042542	Response to hydrogen peroxide	5	119	1.22	0.0030	DUSP1,JUN,ANXA1,TXNIP,TNFAIP3
GO:0042981	Regulation of apoptotic process	17	1550	0.64	0.00011	I74,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,DUSP1,HSPA5,NR4A2,LMNA,JUN,TSC22D3,ANXA1,RGCC,CDKN1A,UBC,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0043066	Negative regulation of apoptotic process	12	893	0.73	0.00070	CD74,NFKBIA,DUSP1,HSPA5,NR4A2,LMNA,JUN,TSC22D3,ANXA1,CDKN1A,UBC,TNFAIP3
GO:0043068	Positive regulation of programmed cell death	8	666	0.68	0.0182	GADD45B,DUSP1,JUN,ANXA1,RGCC,CDKN1A,UBC,TXNIP
GO:0043085	Positive regulation of catalytic activity	11	1489	0.47	0.0481	CD74,PPP1R15A,GADD45B,DNAJB1,NR4A2,S100A10,JUN,RGCC,TMSB4X,CDKN1A,UBC
GO:0043086	Negative regulation of catalytic activity	8	807	0.6	0.0432	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,ANXA1,CDKN1A,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0043392	Negative regulation of dna binding	3	56	1.33	0.0263	NFKBIA,JUN,TMSB4X
GO:0043618	Regulation of transcription from rna polymerase ii promoter in response to stress	4	118	1.13	0.0182	DNAJB1,HSPA5,JUN,UBC
GO:0044092	Negative regulation of molecular function	11	1163	0.58	0.0114	PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,JUN,ANXA1,TMSB4X,CDKN1A,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0045185	Maintenance of protein location	4	97	1.22	0.0113	NFKBIA,SRGN,HSPA5,TMSB4X
GO:0045321	Leukocyte activation	10	929	0.63	0.0095	CD74,SLC2A3,LGALS1,S100A11,FTH1,JUN,ANXA1,YPEL5,HLA-A,KLF6
GO:0045595	Regulation of cell differentiation	14	1874	0.47	0.0129	CD74,LGALS1,NFKBIA,H3F3B,JUNB,FOS,HSPA5,S100A10,JUN,ANXA1,RGCC,MYADM,VIM,ZFP36
GO:0045597	Positive regulation of cell differentiation	10	993	0.6	0.0133	CD74,JUNB,FOS,HSPA5,S100A10,JUN,ANXA1,RGCC,MYADM,ZFP36
GO:0045637	Regulation of myeloid cell differentiation	6	260	0.96	0.0067	CD74,NFKBIA,H3F3B,FOS,JUN,ZFP36
GO:0045657	Positive regulation of monocyte differentiation	2	11	1.86	0.0283	CD74,JUN
GO:0045785	Positive regulation of cell adhesion	6	423	0.75	0.0357	CD74,LGALS1,S100A10,ANXA1,MYADM,HLA-A
GO:0045935	Positive regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	13	1927	0.43	0.0378	CD74,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,RGCC,TMSB4X,KLF6,UBC,ZFP36
GO:0045936	Negative regulation of phosphate metabolic process	8	561	0.76	0.0083	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,EZR,JUN,MYADM,CDKN1A,TNFAIP3
GO:0045944	Positive regulation of transcription by rna polymerase ii	10	1253	0.5	0.0477	NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,JUN,RGCC,KLF6,UBC
GO:0046596	Regulation of viral entry into host cell	3	35	1.53	0.0113	CD74,LGALS1,IFITM3
GO:0046598	Positive regulation of viral entry into host cell	2	10	1.9	0.0253	CD74,LGALS1
GO:0048145	Regulation of fibroblast proliferation	4	83	1.28	0.0077	CD74,FTH1,JUN,CDKN1A
GO:0048146	Positive regulation of fibroblast proliferation	3	52	1.36	0.0234	CD74,JUN,CDKN1A
GO:0048513	Animal organ development	20	3197	0.4	0.0059	GALS1,SRGN,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,LMNA,S100A4,JUN,ANXA1,CDKN1A,LTB,KLF6,VIM,TXNIP
GO:0048518	Positive regulation of biological process	33	6112	0.33	0.00017	B,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,UCP2,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,S100A10,JUN,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,CDKN1A,LTB,KLF6,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0048519	Negative regulation of biological process	31	5389	0.36	0.00016	JRGN,DNAJB1,H3F3B,S100A11,FTH1,JUNB,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,TSC22D3,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,KLF6,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0048522	Positive regulation of cellular process	30	5579	0.33	0.00076	H1,H3F3B,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,S100A10,JUN,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,CDKN1A,KLF6,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0048523	Negative regulation of cellular process	29	4874	0.38	0.00023	JSP1,SRGN,DNAJB1,H3F3B,S100A11,FTH1,JUNB,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,TSC22D3,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,CDKN1A,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0048525	Negative regulation of viral process	4	105	1.18	0.0134	JUN,IFITM3,IL32,ZFP36
GO:0048534	Hematopoietic or lymphoid organ development	7	619	0.65	0.0437	CD74,LGALS1,JUNB,JUN,ANXA1,LTB,KLF6
GO:0048545	Response to steroid hormone	7	328	0.93	0.0034	DUSP1,FOS,NR4A2,ANXA1,CDKN1A,TXNIP,ZFP36
GO:0048583	Regulation of response to stimulus	22	4114	0.33	0.0134	XD45B,LGALS1,NFKBIA,KLRB1,DUSP1,DNAJB1,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,JUN,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,UBC,TNFAIP3
GO:0048585	Negative regulation of response to stimulus	14	1636	0.53	0.0053	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,ANXA1,TMSB4X,MYADM,HLA-A,UBC,TNFAIP3
GO:0048731	System development	22	4426	0.3	0.0283	SRGN,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,JUN,ANXA1,CDKN1A,LTB,KLF6,VIM,TXNIP,TNFAIP3
GO:0048856	Anatomical structure development	27	5402	0.3	0.0065	SRGN,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,TAGLN2,LMNA,S100A4,PPDF,JUN,ANXA1,MYADM,CDKN1A,LTB,KLF6,VIM,TXNIP,TNFAIP3
GO:0050671	Positive regulation of lymphocyte proliferation	4	134	1.08	0.0249	CD74,ANXA1,HLA-A,CDKN1A
GO:0050710	Negative regulation of cytokine secretion	2	15	1.73	0.0419	SRGN,RGCC
GO:0050776	Regulation of immune response	9	896	0.6	0.0235	CD74,KLRB1,FOS,EZR,JUN,ANXA1,RGCC,HLA-A,TNFAIP3
GO:0050789	Regulation of biological process	42	11475	0.16	0.00060	CSRNP1,FTH1,TUBA1A,JUNB,FOS,UCP2,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,S100A10,JUN,TSC22D3,PLP2,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,KLF6,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0050790	Regulation of catalytic activity	16	2386	0.43	0.0132	D74,PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DNAJB1,NR4A2,S100A10,JUN,ANXA1,RGCC,TMSB4X,CDKN1A,UBC,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0050792	Regulation of viral process	6	215	1.05	0.0034	CD74,LGALS1,JUN,IFITM3,IL32,ZFP36
GO:0050793	Regulation of developmental process	19	2648	0.46	0.0025	ILGALS1,NFKBIA,SRGN,H3F3B,JUNB,FOS,HSPA5,EZR,LMNA,S100A10,JUN,ANXA1,RGCC,MYADM,CDKN1A,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0050794	Regulation of cellular process	41	10932	0.18	0.00056	H1,CSRNP1,FTH1,TUBA1A,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,S100A4,S100A10,JUN,TSC22D3,PLP2,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,KLF6,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0050896	Response to stimulus	40	8046	0.3	1.26e-05	0A11,CSRNP1,FTH1,JUNB,FOS,UCP2,HSPA5,PTPRCAP,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,S100A10,JUN,TSC22D3,PLP2,ANXA1,RGCC,YPEL5,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051085	Chaperone cofactor-dependent protein refolding	3	29	1.62	0.0790	CD74,DNAJB1,HSPA5
GO:0051090	Regulation of dna-binding transcription factor activity	7	437	0.81	0.0108	NFKBIA,FOS,JUN,RGCC,TMSB4X,UBC,TNFAIP3
GO:0051093	Negative regulation of developmental process	9	983	0.56	0.0363	CD74,LGALS1,NFKBIA,SRGN,ANXA1,RGCC,CDKN1A,VIM,ZFP36
GO:0051094	Positive regulation of developmental process	13	1389	0.57	0.0046	CD74,JUNB,FOS,HSPA5,EZR,LMNA,S100A10,JUN,ANXA1,RGCC,MYADM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051098	Regulation of binding	6	373	0.81	0.0232	NFKBIA,S100A10,JUN,TMSB4X,CDKN1A,IL32

GO:0051100	Negative regulation of binding	4	173	0.97	0.0483	NFKBIA,JUN,TMSB4X,CDKN1A
GO:0051101	Regulation of dna binding	4	128	1.1	0.0226	NFKBIA,JUN,TMSB4X,IL32
GO:0051128	Regulation of cellular component organization	17	2402	0.45	0.0060	IR15A,LGALS1,DUSP1,SRGN,DNAJB1,H3F3B,TUBA1A,HSPA5,EZR,LMNA,S100A10,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,VIM
GO:0051129	Negative regulation of cellular component organization	9	713	0.7	0.0076	LGALS1,DNAJB1,H3F3B,HSPA5,LMNA,RGCC,TMSB4X,MYADM,VIM
GO:0051171	Regulation of nitrogen compound metabolic process	26	5836	0.25	0.0324	DUSP1,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,TSC22D3,RGCC,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,KLF6,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051172	Negative regulation of nitrogen compound metabolic process	15	2429	0.39	0.0348	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DNAJB1,H3F3B,JUNB,NR4A2,EZR,JUN,MYADM,CDKN1A,UBC,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051173	Positive regulation of nitrogen compound metabolic process	20	3239	0.39	0.0067	IR15A,GADD45B,NFKBIA,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,RGCC,TMSB4X,CDKN1A,KLF6,UBC,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051179	Localization	26	5591	0.27	0.0200	N,S100A11,FTH1,TUBA1A,UCP2,HSPA5,NR4A2,EZR,TAGLN2,LMNA,S100A10,TSC22D3,PLP2,ANXA1,YPEL5,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,UBC,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051234	Establishment of localization	23	4479	0.31	0.0153	RG,N,S100A11,FTH1,TUBA1A,UCP2,HSPA5,EZR,TAGLN2,LMNA,S100A10,TSC22D3,PLP2,ANXA1,YPEL5,TMSB4X,CDKN1A,UBC,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051235	Maintenance of location	5	161	1.09	0.0071	NFKBIA,SRGN,FTH1,HSPA5,TMSB4X
GO:0051239	Regulation of multicellular organismal process	21	3227	0.41	0.0028	ILS1,NFKBIA,SRGN,H3F3B,FOS,UCP2,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,LTB,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051241	Negative regulation of multicellular organismal process	12	1231	0.59	0.0059	CD74,LGALS1,NFKBIA,SRGN,EZR,LMNA,ANXA1,RGCC,TMSB4X,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051249	Regulation of lymphocyte activation	6	445	0.73	0.0435	CD74,LGALS1,ANXA1,HLA-A,CDKN1A,TNFAIP3
GO:0051251	Positive regulation of lymphocyte activation	5	286	0.84	0.0404	CD74,LGALS1,ANXA1,HLA-A,CDKN1A
GO:0051252	Regulation of rna metabolic process	21	3722	0.35	0.0110	A,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,TSC22D3,RGCC,TMSB4X,CDKN1A,KLF6,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051348	Negative regulation of transferase activity	5	294	0.83	0.0437	GADD45B,DUSP1,CDKN1A,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051384	Response to glucocorticoid	5	147	1.13	0.0056	DUSP1,FOS,ANXA1,CDKN1A,ZFP36
GO:0051591	Response to camp	6	98	1.39	0.00017	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,EZR,JUN
GO:0051592	Response to calcium ion	6	150	1.2	0.00089	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,JUN,TXNIP
GO:0051641	Cellular localization	20	2967	0.43	0.0030	IR1R15A,NFKBIA,SRGN,S100A11,FTH1,TUBA1A,HSPA5,EZR,TAGLN2,LMNA,S100A10,YPEL5,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,UBC,TXNIP,TNFAIP3
GO:0051649	Establishment of localization in cell	16	2375	0.43	0.0129	CD74,SLC2A3,NFKBIA,SRGN,S100A11,FTH1,TUBA1A,HSPA5,EZR,TAGLN2,LMNA,YPEL5,TMSB4X,CDKN1A,UBC,TXNIP
GO:0051651	Maintenance of location in cell	4	91	1.24	0.0096	SRGN,FTH1,HSPA5,TMSB4X
GO:0051707	Response to other organism	10	1256	0.5	0.0482	NFKBIA,JUNB,FOS,JUN,ANXA1,HLA-A,IFITM3,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051716	Cellular response to stimulus	32	6489	0.29	0.0014	RG,N,DNAJB1,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,PLP2,ANXA1,RGCC,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0051726	Regulation of cell cycle	10	1230	0.51	0.0428	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,TUBA1A,JUNB,JUN,ANXA1,RGCC,CDKN1A,TNFAIP3
GO:0060255	Regulation of macromolecule metabolic process	33	6407	0.31	0.00040	I,H3F3B,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,TSC22D3,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,HLA-A,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0060395	SMAD protein signal transduction	3	59	1.31	0.0290	FOS,JUN,VIM
GO:0065008	Regulation of biological quality	22	4042	0.34	0.0114	ILS1,NFKBIA,SRGN,H3F3B,FTH1,TUBA1A,UCP2,HSPA5,EZR,LMNA,JUN,TSC22D3,ANXA1,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,UBC,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0065009	Regulation of molecular function	24	4913	0.29	0.0199	NFKBIA,DUSP1,DNAJB1,CSRNP1,JUNB,FOS,NR4A2,S100A10,JUN,TSC22D3,ANXA1,RGCC,TMSB4X,CDKN1A,LTB,KLF6,IL32,UBC,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0070423	Nucleotide-binding oligomerization domain containing signaling pathway	3	28	1.63	0.0076	NFKBIA,UBC,TNFAIP3
GO:0070482	Response to oxygen levels	6	379	0.8	0.0246	UCP2,NR4A2,LMNA,RGCC,CDKN1A,UBC
GO:0070663	Regulation of leukocyte proliferation	5	237	0.93	0.0226	CD74,ANXA1,HLA-A,CDKN1A,TNFAIP3
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	25	2919	0.53	7.85e-06	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,CRIP1,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,PLP2,ANXA1,RGCC,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0071216	Cellular response to biotic stimulus	6	219	1.04	0.0035	NFKBIA,HSPA5,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0071236	Cellular response to antibiotic	2	14	1.76	0.0376	HSPA5,CRIP1
GO:0071277	Cellular response to calcium ion	4	85	1.27	0.0080	JUNB,FOS,HSPA5,JUN
GO:0071310	Cellular response to organic substance	23	2369	0.59	5.37e-06	NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,PLP2,ANXA1,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	17	1013	0.83	1.31e-06	CD74,NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,PLP2,ANXA1,TMSB4X,HLA-A,IFITM3,CDKN1A,LTB,IL32,UBC,VIM,ZFP36
GO:0071493	Cellular response to uv-b	2	8	2.0	0.0199	CRIP1,CDKN1A
GO:0071495	Cellular response to endogenous stimulus	11	1181	0.57	0.0123	DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1,UBC,VIM,ZFP36
GO:0071850	Mitotic cell cycle arrest	3	16	1.87	0.0030	DUSP1,RGCC,CDKN1A
GO:0071900	Regulation of protein serine/threonine kinase activity	7	521	0.73	0.0223	CD74,GADD45B,DUSP1,RGCC,CDKN1A,UBC,TNFAIP3
GO:0072594	Establishment of protein localization to organelle	7	433	0.81	0.0105	NFKBIA,HSPA5,LMNA,CDKN1A,UBC,TXNIP,TNFAIP3
GO:0080090	Regulation of primary metabolic process	27	6032	0.25	0.0241	JSP1,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,LMNA,JUN,TSC22D3,ANXA1,RGCC,TMSB4X,MYADM,CDKN1A,KLF6,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:0080134	Regulation of response to stress	13	1437	0.56	0.0058	CD74,PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,DNAJB1,HSPA5,EZR,LMNA,ANXA1,TMSB4X,HLA-A,TNFAIP3
GO:0097190	Apoptotic signaling pathway	5	286	0.84	0.0404	PPP1R15A,SRGN,CRIP1,JUN,CDKN1A
GO:0097201	Negative regulation of transcription from rna polymerase ii promoter in response to stress	2	13	1.79	0.0346	DNAJB1,JUN
GO:1900102	Negative regulation of endoplasmic reticulum unfolded protein response	2	13	1.79	0.0346	PPP1R15A,HSPA5
GO:1900744	Regulation of p38mapk cascade	3	38	1.5	0.0129	GADD45B,DUSP1,EZR
GO:1901700	Response to oxygen-containing compound	15	1567	0.58	0.0014	LGALS1,NFKBIA,DUSP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1,CDKN1A,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:1901701	Cellular response to oxygen-containing compound	11	1055	0.62	0.0067	LGALS1,NFKBIA,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,ANXA1,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:1902107	Positive regulation of leukocyte differentiation	4	156	1.01	0.0360	CD74,FOS,JUN,ANXA1
GO:1903025	Regulation of rna polymerase ii regulatory region sequence-specific dna binding	2	15	1.73	0.0419	TMSB4X,IL32
GO:1903706	Regulation of hemopoiesis	7	493	0.75	0.0176	CD74,NFKBIA,H3F3B,FOS,JUN,ANXA1,ZFP36
GO:1903707	Negative regulation of hemopoiesis	4	156	1.01	0.0360	CD74,NFKBIA,ANXA1,ZFP36
GO:1903753	Negative regulation of p38mapk cascade	2	6	2.12	0.0141	DUSP1,EZR
GO:1903897	Regulation of perk-mediated unfolded protein response	2	10	1.9	0.0253	PPP1R15A,HSPA5
GO:1903900	Regulation of viral life cycle	4	153	1.02	0.0346	CD74,LGALS1,IFITM3,IL32
GO:2000026	Regulation of multicellular organismal development	14	2096	0.43	0.0283	CD74,LGALS1,NFKBIA,SRGN,H3F3B,FOS,HSPA5,JUN,ANXA1,RGCC,MYADM,VIM,ZFP36,TNFAIP3
GO:2000112	Regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	24	3878	0.39	0.0015	DUSP1,DNAJB1,H3F3B,S100A11,CSRNP1,JUNB,FOS,HSPA5,NR4A2,EZR,JUN,TSC22D3,RGCC,TMSB4X,CDKN1A,KLF6,UBC,VIM,TXNIP,ZFP36,TNFAIP3
GO:2000113	Negative regulation of cellular macromolecule biosynthetic process	12	1470	0.51	0.0172	DUSP1,DNAJB1,H3F3B,S100A11,JUNB,NR4A2,EZR,JUN,CDKN1A,UBC,TXNIP,ZFP36

Tabla 22. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en células T GZMK+ de pacientes GCA en remisión versus controles sanos.

Identificador	Descripción	Número de genes	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:000122	Negative regulation of transcription by rna polymerase ii	10	895	0.83	0.0126	DNAJB1,BTG2,JUNB,LYAR,EZR,JUN,UBC,CITED2, TXNIP,ZFP36
GO:000302	Response to reactive oxygen species	5	198	0.99	0.0198	FOS, JUN,ANXA1,ETS1, TXNIP
GO:001668	Response to hypoxia	6	342	0.83	0.0253	UCP2,LMNA, RGCC,ETS1,UBC,CITED2
GO:0001775	Cell activation	16	1075	0.76	3.73e-05	CD74,SLC2A3,CORO1A,COTL1,TUBB4B,ACTB,ITM2A,CLIC1,ANXA1,RGCC,YPEL5,HLA-A,KLF6,HSPA8,ACTG1
GO:0001817	Regulation of cytokine production	8	742	0.62	0.0419	CD74,GAPDH,EZR,ANXA1,RGCC,HLA-A,LTB,ZFP36
GO:0001906	Cell killing	4	126	1.09	0.0290	CORO1A,GAPDH,TUBB4B,HLA-A
GO:0001909	Leukocyte mediated cytotoxicity	3	38	1.48	0.0186	CORO1A,TUBB4B,HLA-A
GO:0002252	Immune effector process	13	969	0.71	0.00070	CD74,SLC2A3,CORO1A,COTL1,TUBB4B,ACTB,ITM2A,RGCC,YPEL5,HLA-A,ARPC1B,HSPA8,ACTG1
GO:0002347	Response to tumor cell	2	10	1.88	0.0333	HLA-A, TXNIP
GO:0002366	Leukocyte activation involved in immune response	8	626	0.69	0.0220	CD74,SLC2A3,CORO1A,COTL1,TUBB4B,ITM2A,YPEL5,HSPA8
GO:0002376	Immune system process	23	2481	0.55	4.29e-05	CD74,SLC2A3,CORO1A,GAPDH,COTL1,JUNB,CRIP1,TUBB4B,LYAR,ACTB,ITM2A,ANXA1,RGCC,YPEL5,ETS1,HLA-A,ARPC1B,LTB,KLF6,HSPA8,CITED2,ACTG1
GO:0002443	Leukocyte mediated immunity	8	641	0.68	0.0241	CD74,SLC2A3,CORO1A,COTL1,TUBB4B,LYAR,ACTB,ITM2A,ANXA1,RGCC,YPEL5,HLA-A,HSPA8
GO:0002449	Lymphocyte mediated immunity	4	141	1.04	0.0370	CD74,CORO1A,GAPDH,COTL1,TUBB4B,HLA-A
GO:0002521	Leukocyte differentiation	6	338	0.83	0.0247	CD74,JUNB,ITM2A,ANXA1,KLF6
GO:0002682	Regulation of immune system process	15	1514	0.58	0.0025	CD74,CORO1A,RAC2,H3F3B,FOS,ACTB,EZR,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A,ARPC1B,ACTG1,ZFP36
GO:0002684	Positive regulation of immune system process	12	949	0.69	0.0025	CD74,CORO1A,RAC2,FOS,ACTB,EZR,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A,ARPC1B,ACTG1
GO:0002763	Positive regulation of myeloid leukocyte differentiation	3	58	1.3	0.0370	CD74,FOS,JUN
GO:0002768	Immune response-regulating cell surface receptor signaling pathway	6	346	0.82	0.0261	FOS,ACTB,JUN,HLA-A,ARPC1B,ACTG1
GO:0006355	Regulation of transcription, dna-templated	21	3388	0.38	0.0106	CD74,PFN1,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,LYAR,ERTAD1,EZR,JUN,RGCC,ETS1,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0006357	Regulation of transcription by rna polymerase ii	18	2172	0.5	0.0025	PFN1,DNAJB1,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,LYAR,ERTAD1,EZR,JUN,RGCC,ETS1,KLF6,UBC,CITED2, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0006909	Phagocytosis	6	210	1.04	0.0062	CORO1A,RAC2,ACTB,ANXA1,ARPC1B,ACTG1
GO:0006950	Response to stress	28	3485	0.49	3.73e-05	CD74,PPP1R15A,CORO1A,GAPDH,DNAJB1,H3F3B,COTL1,BTG2,FOS,UCP2,CRIP1,TUBB4B,LYAR,ACTB,LMNA,JUN,CLIC1,ANXA1,RGCC,DNAJ1,ETS1,HLA-A,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, TXNIP,ZFP36
GO:0006952	Defense response	11	1296	0.51	0.0335	CD74,CORO1A,GAPDH,COTL1,FOS,TUBB4B,LYAR,JUN,ANXA1,HLA-A,ACTG1
GO:0006955	Immune response	17	1588	0.61	0.00043	CD74,SLC2A3,CORO1A,GAPDH,COTL1,CRIP1,TUBB4B,LYAR,ITM2A,ANXA1,RGCC,YPEL5,ETS1,HLA-A,LTB,HSPA8,ACTG1
GO:0007010	Cytoskeleton organization	12	1126	0.61	0.0069	CORO1A,PFN1,GAPDH,RAC2,GCC2,TUBB4B,ACTB,EZR,LMNA,ANXA1,ARPC1B,ACTG1
GO:0007165	Signal transduction	27	4876	0.31	0.0167	CD74,PPP1R15A,CORO1A,PFN1,RAC2,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,CLIC1,ANXA1,RGCC,HLA-A,ARPC1B,LTB,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, TXNIP,ZFP36
GO:0007166	Cell surface receptor signaling pathway	17	3225	0.45	0.0101	CD74,CORO1A,PFN1,JUNB,FOS,ACTB,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,HLA-A,ARPC1B,LTB,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, TXNIP
GO:0007167	Enzyme linked receptor protein signaling pathway	9	720	0.68	0.0126	CSRNP1,FOS,ACTB,JUN,ARPC1B,UBC,CITED2,ACTG1, TXNIP
GO:0007275	Multicellular organism development	27	5023	0.31	0.0074	CD74,GADD45B,PFN1,RAC2,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,CRIP1,LYAR,ACTB,EZR,LMNA,PPDPF,JUN,ITM2A,ANXA1,ETS1,LTB,KLF6,CITED2,MYL6,ACTG1, TXNIP,IER2
GO:0008360	Regulation of cell shape	4	153	1.0	0.0464	CORO1A,RAC2,EZR,ANXA1
GO:0009605	Response to external stimulus	18	2310	0.48	0.0046	CORO1A,GAPDH,RAC2,COTL1,BTG2,JUNB,FOS,TUBB4B,LYAR,EZR,JUN,ANXA1,ETS1,HLA-A,HSPA8,ACTG1, TXNIP,ZFP36
GO:0009607	Response to biotic stimulus	13	1289	0.59	0.0062	CORO1A,GAPDH,COTL1,JUNB,FOS,TUBB4B,LYAR,JUN,ANXA1,HLA-A,ACTG1, TXNIP,ZFP36
GO:0009611	Response to wounding	7	532	0.7	0.0345	H3F3B,ACTB,JUN,CLIC1,ETS1,ACTG1,ZFP36
GO:0009612	Response to mechanical stimulus	6	212	1.04	0.0062	BTG2,JUNB,FOS,JUN,ETS1, TXNIP
GO:0009628	Response to abiotic stimulus	14	1147	0.67	0.00070	BTG2,JUNB,FOS,UCP2,CRIP1,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,DNAJ1,ETS1,UBC,CITED2, TXNIP
GO:0009719	Response to endogenous stimulus	14	1447	0.57	0.0051	CORO1A,BTG2,JUNB,FOS,ACTB,EZR,JUN,ANXA1,ARPC1B,UBC,CITED2, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0009725	Response to hormone	9	849	0.61	0.0278	BTG2,JUNB,FOS,JUN,ANXA1,ARPC1B,CITED2, TXNIP,ZFP36
GO:0009888	Tissue development	15	1760	0.51	0.0073	PFN1,BTG2,JUNB,FOS,CRIP1,ACTB,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,CITED2,MYL6,ACTG1, TXNIP
GO:0009893	Positive regulation of metabolic process	26	3993	0.41	0.00065	CD74,PPP1R15A,GADD45B,GAPDH,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,UCP2,ACTB,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A,LTB,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, IER2,ZFP36
GO:0010033	Response to organic substance	25	3011	0.5	5.13e-05	CD74,CORO1A,GAPDH,DNAJB1,BTG2,JUNB,FOS,CRIP1,ACTB,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,DNAJ1,ETS1,HLA-A,ARPC1B,LTB,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0010036	Response to inorganic substance	7	538	0.7	0.0352	JUNB,FOS,CRIP1,JUN,ANXA1,ETS1, TXNIP
GO:0010458	Regulation of gene expression	31	4813	0.39	0.00010	CD74,PPP1R15A,PFN1,GAPDH,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,CRIP1,LYAR,ACTB,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,AHNAK,RGCC,ETS1,HLA-A,LTB,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0010694	Positive regulation of macromolecule metabolic process	25	3600	0.43	0.00064	CD74,PPP1R15A,GADD45B,GAPDH,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,ACTB,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A,LTB,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, IER2,ZFP36
GO:0010605	Negative regulation of macromolecule metabolic process	19	2875	0.4	0.0110	PPP1R15A,GADD45B,GAPDH,DNAJB1,H3F3B,BTG2,JUNB,LYAR,EZR,JUN,ITM2A,ANXA1,RGCC,DNAJ1,HSPA8,UBC,CITED2, TXNIP,ZFP36
GO:0010628	Positive regulation of gene expression	23	2337	0.58	3.73e-05	CD74,PPP1R15A,GAPDH,CSRNP1,JUNB,FOS,ACTB,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A,LTB,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, IER2,ZFP36
GO:0010629	Negative regulation of gene expression	15	2014	0.46	0.0157	GAPDH,DNAJB1,H3F3B,BTG2,JUNB,LYAR,EZR,JUN,ANXA1,RGCC,HSPA8,UBC,CITED2, TXNIP,ZFP36
GO:0010632	Regulation of epithelial cell migration	5	227	0.93	0.0279	PFN1,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1
GO:0010634	Positive regulation of epithelial cell migration	4	147	1.02	0.0413	PFN1,JUN,ANXA1,ETS1
GO:0010941	Regulation of cell death	17	1696	0.58	0.00065	CD74,GADD45B,CORO1A,GAPDH,HIGD2A,BTG2,FOS,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,DNAJ1,ETS1,UBC,CITED2, TXNIP,ZFP36
GO:0010942	Positive regulation of cell death	9	719	0.68	0.0126	GADD45B,GAPDH,FOS,JUN,ANXA1,RGCC,DNAJ1,UBC, TXNIP
GO:0014070	Response to organic cyclic compound	11	911	0.67	0.0062	BTG2,JUNB,FOS,ACTB,EZR,JUN,ANXA1,ETS1,ARPC1B, TXNIP,ZFP36
GO:0016192	Vesicle-mediated transport	15	1805	0.5	0.0083	SLC2A3,CORO1A,RAC2,COTL1,GCC2,TUBB4B,ACTB,EZR, TAGLN2,ANXA1,YPEL5,ARPC1B,HSPA8,UBC,ACTG1
GO:0019219	Regulation of nucleobase-containing compound metabolic process	23	3962	0.35	0.0109	CD74,PFN1,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,LYAR,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,AHNAK,RGCC,ETS1,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	8	678	0.66	0.0200	CD74,JUNB,FOS,ANXA1,HLA-A,LTB,HSPA8,UBC
GO:0019222	Regulation of metabolic process	36	6948	0.3	0.00045	CD74,PPP1R15A,GADD45B,PFN1,GAPDH,RAC2,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,UCP2,CRIP1,LYAR,ACTB,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ITM2A,ANXA1,AHNAK,RGCC,DNAJ1,ETS1,HLA-A,LTB,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0022407	Regulation of cell-cell adhesion	7	424	0.8	0.0145	CD74,CORO1A,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A,CITED2
GO:0022409	Positive regulation of cell-cell adhesion	6	272	0.93	0.0119	CD74,CORO1A,ANXA1,ETS1,HLA-A,CITED2
GO:0030029	Actin filament-based process	9	592	0.77	0.0062	CORO1A,PFN1,RAC2,ACTB,EZR,ANXA1,ARPC1B,MYL6,ACTG1
GO:0030036	Actin cytoskeleton organization	8	516	0.77	0.0107	CORO1A,PFN1,RAC2,ACTB,EZR,ANXA1,ARPC1B,ACTG1
GO:0030097	Hemopoiesis	7	570	0.67	0.0438	CD74,JUNB,LYAR,JUN,ITM2A,ANXA1,KLF6
GO:0030154	Cell differentiation	22	3702	0.36	0.0110	CD74,GADD45B,RAC2,H3F3B,BTG2,JUNB,FOS,LYAR,ACTB,EZR, TAGLN2,LMNA,PPDPF,JUN,ITM2A,ANXA1,ETS1,KLF6,CITED2,ACTG1, TXNIP,IER2
GO:0030155	Regulation of cell adhesion	9	712	0.69	0.0121	CD74,CORO1A,RAC2,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A,CITED2,ACTG1
GO:0030334	Regulation of cell migration	11	865	0.69	0.0046	CD74,CORO1A,PFN1,RAC2,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,CITED2,ACTG1
GO:0030335	Positive regulation of cell migration	8	522	0.77	0.0109	CD74,CORO1A,PFN1,RAC2,JUN,ANXA1,ETS1,ACTG1
GO:0031323	Regulation of cellular metabolic process	31	6239	0.28	0.0062	CD74,PPP1R15A,GADD45B,PFN1,GAPDH,RAC2,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,LYAR,ACTB,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ITM2A,ANXA1,AHNAK,RGCC,DNAJ1,ETS1,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0031324	Negative regulation of cellular metabolic process	17	2630	0.39	0.0237	PPP1R15A,GADD45B,GAPDH,DNAJB1,H3F3B,BTG2,JUNB,LYAR,EZR,JUN,ITM2A,DNAJ1,HSPA8,UBC,CITED2, TXNIP,ZFP36
GO:0031325	Positive regulation of cellular metabolic process	20	3413	0.35	0.0104	CD74,PPP1R15A,GADD45B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,ERTAD1,EZR,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2, IER2,ZFP36
GO:0031326	Regulation of cellular biosynthetic process	25	4125	0.37	0.0042	CD74,PPP1R15A,PFN1,GAPDH,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,ERTAD1,EZR,JUN,ITM2A,ANXA1,RGCC,ETS1,KLF6,HSPA8,UBC,CITED2, TXNIP,IER2,ZFP36
GO:0031328	Positive regulation of cellular biosynthetic process	14	2055	0.43	0.0345	CD74,PPP1R15A,CSRNP1,JUNB,FOS,ERTAD1,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,KLF6,UBC,CITED2, IER2
GO:0031394	Positive regulation of prostaglandin biosynthetic process	2	7	2.04	0.0237	CD74,ANXA1
GO:0032355	Response to estradiol	4	142	1.03	0.0376	ANXA1,ETS1,ARPC1B, TXNIP
GO:0032501	Multicellular organismal process	30	6933	0.22	0.0376	CD74,GADD45B,CORO1A,PFN1,RAC2,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,JUNB,FOS,CRIP1,LYAR,ACTB,EZR,LMNA,PPDPF,JUN,ITM2A,CLIC1,ANXA1,RGCC,ETS1,LTB,KLF6,CITED2,MYL6,ACTG1, TXNIP,IER2
GO:0032535	Regulation of cellular component size	6	383	0.78	0.0352	PPP1R15A,CORO1A,PFN1,COTL1,EZR,ARPC1B
GO:0032663	Regulation of interleukin-2 production	3	56	1.31	0.0349	EZR,ANXA1,ZFP36
GO:0032781	Positive regulation of atpase activity	3	58	1.3	0.0370	PFN1,DNAJB1,DNAJ1
GO:0032879	Regulation of localization	21	2740	0.47	0.0011	CD74,CORO1A,PFN1,GAPDH,RAC2,GCC2,LYAR,ACTB,EZR,LMNA,JUN,CLIC1,ANXA1,AHNAK,RGCC,DNAJ1,ETS1,HSPA8,CITED2,ACTG1,ZFP36
GO:0032880	Regulation of protein localization	9	934	0.57	0.0419	GAPDH,RAC2,GCC2,ACTB,EZR,LMNA,RGCC,DNAJ1,HSPA8
GO:0032956	Regulation of actin cytoskeleton organization	7	348	0.89	0.0079	CORO1A,PFN1,RAC2,COTL1,RGCC,ARPC1B,ACTG1
GO:0033043	Regulation of organelle organization	11	1306	0.51	0.0345	CORO1A,PFN1,RAC2,H3F3B,COTL1,EZR,LMNA,ANXA1,RGCC,ARPC1B,ACTG1
GO:0033554	Cellular response to stress	14	1725	0.49	0.0126	PPP1R15A,DNAJB1,BTG2,FOS,CRIP1,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,HSPA8,UBC,CITED2,ZFP36
GO:0034697	Response to cytokine	14	1101	0.69	0.00660	CD74,CORO1A,GAPDH,JUNB,FOS,JUN,ANXA1,ETS1,HLA-A,LTB,HSPA8,UBC,CITED2,ACTG1,ZFP36
GO:0034614	Cellular response to reactive oxygen species	4	133	1.06	0.0335	FOS,JUN,ANXA1,ETS1
GO:0038093	Fc receptor signaling pathway	5	177	1.03	0.0134	FOS,ACTB,JUN,ARPC1B,ACTG1
GO:0042127	Regulation of cell population proliferation	14	1642	0.51	0.0107	CD74,CORO1A,RAC2,BTG2,JUNB,ERTAD1,LMNA,JUN,ANXA1,RGCC,ETS1,HLA-A, TXNIP,ZFP36

Tabla 23. Rutas enriquecidas entre el conjunto de genes diferencialmente expresados (DEGs) en Tregs de pacientes GCA en remisión versus controles sanos.

Identificador	Descripción	Número de genes observados	Número de genes totales	Fuerza	FDR	Proteínas asociadas a la red enriquecida
GO:002682	Regulation of immune system process	24	1514	0.71	7.46e-08	CD74, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, HSF3B, IL7R, ACTB, HLA, DRB1, JUN, TSC22D3, HLA, C, RGGC, HLA, DRA, HLA, A, DDT, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, B2M, ACTG1, ZFP36, TNFAIP3
GO:000950	Response to stress	35	3485	0.51	7.46e-08	CD74, PPP1R15A, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, HSF3B, CTOTL1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0002736	Immune system process	29	2481	0.57	1.57e-07	CD74, LGALS1, LGALS3, CTOTL1, FTH1, IL7R, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0034097	Response to cytokine	20	1101	0.77	2.46e-07	CD74, NFKBIA, DUSP1, IL7R, HLA, DRB1, JUN, HLA, C, TMSB4X, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, ZFP36, IFTM2
GO:0006988	Immune response	23	3356	0.52	3.56e-07	CD74, LGALS1, LGALS3, CTOTL1, FTH1, IL7R, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, IFTM2
GO:0010033	Response to antigen substance	31	3011	0.52	3.35e-07	CD74, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, DPA1, BTG2, IL7R, PMAP1, CRP1, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0071345	Cellular response to cytokine stimulus	19	1013	0.78	3.35e-07	CD74, NFKBIA, DUSP1, IL7R, HLA, DRB1, JUN, HLA, C, TMSB4X, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, ZFP36, IFTM2
GO:0019221	Cytokine-mediated signaling pathway	16	678	0.88	3.72e-07	CD74, NFKBIA, DUSP1, IL7R, HLA, DRB1, JUN, HLA, C, TMSB4X, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, ZFP36, IFTM2
GO:0054341	Response to interferon-gamma	10	182	1.25	5.30e-07	HLA, DRB1, HLA, C, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, IFTM2
GO:0050986	Response to stimulus	49	8069	0.29	6.05e-07	IL7, CD69, ARHGDB, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, TMSB4X, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:002252	Immune effector process	18	969	0.78	7.14e-07	CD74, LGALS1, LGALS3, CTOTL1, FTH1, PMAP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, B2M, ACTG1, IFTM2
GO:0009607	Response to biotic stimulus	20	1289	0.7	1.26e-06	NFKBIA, LGALS3, CTOTL1, PMAP1, TUBB4B, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, B2M, ACTG1, TXNP1, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0050776	Regulation of immune stimulus	17	898	0.79	1.48e-06	CD74, LGALS3, CTOTL1, PMAP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, HLA, C, RGGC, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, B2M, ACTG1, TNFAIP3
GO:0044518	Positive regulation of biological process	42	6112	0.34	1.65e-06	RAS, GADD45B, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, HSF3B, CSRN1P, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	29	2919	0.5	1.66e-06	CD74, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, IL7R, PMAP1, CRP1, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:042221	Response to chemical	35	4333	0.41	2.39e-06	CD74, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, DPA1, BTG2, IL7R, PMAP1, CRP1, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0007165	Signal transduction	37	4876	0.39	2.93e-06	CD74, PPP1R15A, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0002033	Interferon-gamma-mediated signaling pathway	7	70	1.51	2.93e-06	HLA, DRB1, HLA, C, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, B2M, ACTG1, IFTM2
GO:0051707	Response to other organism	19	1286	0.69	3.52e-06	NFKBIA, LGALS3, CTOTL1, PMAP1, TUBB4B, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, B2M, ACTG1, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0050794	Regulation of cellular process	55	10932	0.21	3.78e-06	MSB10, DUSP1, DUSP4, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0050789	Regulation of biological process	56	11475	0.19	5.25e-06	IL10, DUSP4, DUSP4, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0048983	Regulation of response to stimulus	33	4114	0.41	8.80e-06	CD74, PPP1R15A, GADD45B, LGALS1, NFKBIA, ARHGDB, DUSP1, DUSP4, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0001775	Cell activation	17	1075	0.71	1.14e-05	CD74, LGALS1, LGALS3, CTOTL1, FTH1, IL7R, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3
GO:0030155	Regulation of cell adhesion	14	712	0.8	1.76e-05	CD74, LGALS1, ARHGDB, DUSP1, LGALS3, IL7R, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0071346	Cellular response to interferon-gamma	8	161	1.2	2.35e-05	HLA, DRB1, HLA, C, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, B2M, ACTG1, IFTM2
GO:0006952	Defense response	18	1298	0.65	2.38e-05	CD74, LGALS3, CTOTL1, PMAP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0071310	Cellular response to antigenic substance	24	2369	0.51	2.84e-05	CD74, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, IL7R, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:002478	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen	8	174	1.17	3.76e-05	CD74, HLA, DRB1, HLA, C, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, B2M, ACTG1, IFTM2
GO:0048584	Positive regulation of response to stimulus	23	2287	0.51	5.08e-05	CD74, PPP1R15A, GADD45B, LGALS1, NFKBIA, IL7R, PMAP1, CRP1, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0032956	Regulation of actin cytoskeleton organization	10	348	0.96	5.36e-05	PNF1, ARHGDB, TMSB10, CTOTL1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0044419	Interacts interaction between organisms	21	1899	0.21	5.36e-05	NFKBIA, LGALS3, CTOTL1, PMAP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0046556	Regulation of viral entry into host cell	5	35	1.66	5.36e-05	CD74, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, CTOTL1, FTH1, IL7R, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0020683	Negative regulation of immune system process	11	450	0.89	5.37e-05	CD74, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, IL7R, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0020884	Regulation of immune system process	15	949	0.7	5.82e-05	CD74, LGALS1, LGALS3, IL7R, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0010468	Regulation of gene expression	34	4813	0.36	6.48e-05	CD74, PPP1R15A, NFKBIA, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0110263	Regulation of actin filament organization	9	273	1.02	6.48e-05	PNF1, TMSB10, CTOTL1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0007166	Cell surface receptor signaling pathway	23	2325	0.5	6.54e-05	CD74, NFKBIA, DUSP1, CSRN1P, IL7R, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0010628	Positive regulation of gene expression	23	2337	0.5	7.02e-05	CD74, PPP1R15A, NFKBIA, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0051773	Cellular response to stimulus	40	6489	0.3	7.02e-05	PPP1R15A, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, CD69, ARHGDB, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0048519	Negative regulation of biological process	36	5389	0.33	7.58e-05	CD74, PPP1R15A, GADD45B, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0048525	Negative regulation of cellular process	34	4874	0.35	7.58e-05	CD74, PPP1R15A, GADD45B, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0042127	Regulation of cell population proliferation	19	1642	0.57	8.27e-05	CD74, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, IL7R, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0030334	Regulation of cell migration	14	865	0.72	9.96e-05	CD74, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, IL7R, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0001817	Regulation of cytokine production	7	742	0.76	0.00011	CD74, SRGN, HLA, DRB1, RGGC, TMSB4X, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0050792	Regulation of viral process	8	215	1.08	0.00011	CD74, LGALS1, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0002025	Regulation of macromolecule metabolic process	39	6407	0.29	0.00014	CD74, PPP1R15A, GADD45B, NFKBIA, DUSP1, DUSP4, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0088542	Defense response to other organism	14	900	0.7	0.00014	LGALS3, CTOTL1, PMAP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0048922	Positive regulation of cellular process	36	5579	0.32	0.00015	CD74, PPP1R15A, GADD45B, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0022407	Regulation of cell-cell adhesion	10	424	0.88	0.00015	CD74, LGALS1, LGALS3, IL7R, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0009803	Positive regulation of metabolic process	29	3893	0.38	0.00025	CD74, PPP1R15A, GADD45B, NFKBIA, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0020768	Immune response-regulating cell surface receptor signaling pathway	9	346	0.92	0.00029	ACTB, HLA, DRB1, JUN, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0051239	Regulation of multicellular organismal process	26	3227	0.41	0.00029	CD74, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, ARHGDB, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0045087	Innate immune response	12	793	0.74	0.00033	LGALS3, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0046357	Regulation of myeloid cell differentiation	8	260	0.99	0.00033	CD74, NFKBIA, LGALS3, HSF3B, HLA, DRB1, JUN, B2M, ZFP36
GO:0019222	Regulation of metabolic process	40	6948	0.27	0.00034	D74, PPP1R15A, GADD45B, NFKBIA, DUSP1, DUSP4, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0019883	Antigen processing and presentation of endogenous antigen	4	25	1.71	0.00035	CD74, HLA, C, HLA, B2M
GO:0050778	Positive regulation of immune response	11	607	0.76	0.00049	CD74, ACTB, HLA, DRB1, RGGC, TMSB4X, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0007162	Negative regulation of cell adhesion	8	280	0.96	0.00052	CD74, LGALS1, ARHGDB, DUSP1, LGALS3, HLA, DRB1, RGGC, MYADM
GO:0010604	Positive regulation of macromolecule metabolic process	27	3600	0.38	0.00055	CD74, PPP1R15A, GADD45B, NFKBIA, DUSP1, DUSP4, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0020233	Activation of immune response	9	385	0.87	0.00057	ACTB, HLA, DRB1, RGGC, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0006905	Response to external stimulus	21	2310	0.46	0.00061	NFKBIA, LGALS3, CTOTL1, PMAP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0042981	Regulation of apoptotic process	17	1550	0.59	0.00061	CD74, GADD45B, LGALS1, NFKBIA, DUSP1, LGALS3, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0053879	Regulation of localization	23	2740	0.43	0.00065	CD74, NFKBIA, DUSP1, ARHGDB, TMSB10, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0051641	Cellular localization	24	2967	0.41	0.00068	CD74, PPP1R15A, NFKBIA, DUSP1, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0020480	Antigen processing and presentation of exogenous peptide antigen via mhc class i tap-independent	3	8	2.08	0.00073	HLA, C, HLA, B2M
GO:0045321	Leukocyte activation	13	929	0.65	0.00080	CD74, LGALS1, LGALS3, CTOTL1, FTH1, IL7R, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, RGS1, JUN, HLA, C, RGGC, YPEL5, HLA, A, IFTM1, ARPC1B, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0050790	Regulation of catalytic activity	21	2386	0.45	0.00093	CD74, PPP1R15A, GADD45B, NFKBIA, DUSP1, DUSP4, SRGN, LGALS3, DPA1, HSF3B, CTOTL1, CSRN1P, FTH1, BTG2, IL7R, UCP2, PMAP1, CRP1, TUBB4B, ACTB, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TXNP1, IER2, ZFP36, TNFAIP3, IFTM2
GO:0020429	Immune response-activating cell surface receptor signaling pathway	8	311	0.92	0.00095	ACTB, HLA, DRB1, HLA, DRA, HLA, A, IFTM1, HLA, DPA1, HLA, DPB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:1903037	Regulation of leukocyte cell-cell adhesion	8	315	0.91	0.0010	CD74, LGALS1, LGALS3, IL7R, HLA, DRB1, I32, UBC, B2M, ACTG1, TNFAIP3, IFTM2
GO:0019885	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i	3	10	1.98	0.0012	HLA, C, HLA, B2M
GO:0046588	Positive regulation of viral entry into host cell	3	10	1.98	0.0012	CD74,

GO:0060337	Type I interferon signaling pathway	4	67	1.28	0.0070	HLA-C,HLA-A,IFITM1,IFITM2
GO:0069888	Tissue development	16	1760	0.46	0.0072	PP1N1,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,BTG2,CRP1,ACTB,HLA-DRB1,TAGLN2,LMNA,S100A4,JUN,MYADM,ACTG1,TXNP
GO:0010648	Negative regulation of cell communication	14	1382	0.51	0.0072	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,RGS1,LMNA,RGCC,TMSB4X,MYADM,UBC,TNFAIP3
GO:0051649	Establishment of localization in cell	19	2375	0.41	0.0072	CD74,NFKBIA,SRGN,LGALS3,COTL1,FTH1,GCC2,PPAIP1,TUBB4B,ACTB,TAGLN2,LMNA,HLA-C,YPEL5,LMNB4,UBC,B2M,ACTG1,TXNP
GO:0023057	Negative regulation of signaling	14	1385	0.51	0.0073	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,RGS1,LMNA,RGCC,TMSB4X,MYADM,UBC,TNFAIP3
GO:0043254	Regulation of protein-containing complex assembly	8	451	0.76	0.0079	PP1N1,TMSB10,LGALS3,H3F3B,COTL1,TMSB4X,MYADM,ARPC1B
GO:0051819	Positive regulation of cytokine production	8	461	0.75	0.0086	CD74,RGCC,HLA-A,DRB1,HLA-DPA1,HLA-DPB1,LTB,B2M
GO:0002486	Antigen processing and presentation of endogenous peptide antigen via mhc class i via er pathway, tap-independent	2	3	2.33	0.0086	HLA-C,HLA-A
GO:0002521	Leukocyte differentiation	7	338	0.82	0.0086	CD74,LGALS1,ILTR,HLA-DRB1,JUN,KLF6,B2M
GO:0043006	Negative regulation of apoptotic process	11	893	0.6	0.0086	CD74,NFKBIA,DUSP1,LGALS3,BTG2,SR,LMNA,JUN,TSC2D3,UBC,TNFAIP3
GO:0010192	Vesicle-mediated transport	16	1805	0.45	0.0085	SRGN,LGALS3,COTL1,FTH1,GCC2,TUBB4B,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,S100A10,HLA-C,YPEL5,TMSB4X,ARPC1B,UBC,B2M,ACTG1
GO:0050793	Regulation of developmental process	20	2648	0.38	0.0088	CD74,LGALS1,NFKBIA,PP1N1,ARHGDB1,SRGN,LGALS3,H3F3B,ILTR,HLA-DRB1,LMNA,S100A10,JUN,CLC1,RGCC,MYADM,IFITM1,B2M,ZFP96,TNFAIP3
GO:1902531	Regulation of intracellular signal transduction	16	1807	0.45	0.0088	CD74,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,ARHGDB1,DUSP1,DUSP4,PPAIP1,HLA-DRB1,S100A4,JUN,TMSB4X,MYADM,DDT,UBC,TNFAIP3
GO:0070423	Nucleotide binding oligomerization domain containing signaling pathway	3	28	1.54	0.0103	NFKBIA,UBC,TNFAIP3
GO:0044903	Positive regulation of molecular function	16	1842	0.45	0.0108	CD74,PPP1R15A,GADD45B,PP1N1,ARHGDB1,DNAJB1,PPAIP1,HLA-DRB1,RGS1,S100A10,JUN,RGCC,TMSB4X,IL32,UBC,B2M
GO:0050717	Negative regulation of immune response	5	154	1.02	0.0113	LGALS3,ILTR,HLA-DRB1,HLA-A,TNFAIP3
GO:0022066	Leukocyte activation involved in immune response	9	626	0.66	0.0117	CD74,LGALS1,ILTR,HLA-DRB1,HLA-C,YPEL5,B2M
GO:0002503	Peptide antigen assembly with mhc class ii protein complex	2	4	2.21	0.0117	HLA-DRB1,HLA-DRA
GO:0070229	Negative regulation of lymphocyte apoptotic process	3	31	1.49	0.0129	CD74,ILTR,TSC2D3
GO:0043285	Positive regulation of catalytic activity	14	1449	0.48	0.0132	CD74,PPP1R15A,GADD45B,PP1N1,ARHGDB1,DNAJB1,PPAIP1,HLA-DRB1,RGS1,S100A10,JUN,RGCC,TMSB4X,UBC
GO:0051235	Maintenance of location	5	161	1.0	0.0132	NFKBIA,TMSB10,SRGN,FTH1,TMSB4X
GO:0051098	Regulation of binding	7	373	0.78	0.0135	NFKBIA,ACTB,S100A10,JUN,TMSB4X,IL32,B2M
GO:0030336	Negative regulation of cell migration	6	282	0.87	0.0142	CD74,ARHGDB1,DUSP1,RGCC,DDIT3,IFITM1
GO:0042129	Regulation of cell proliferation	5	165	0.99	0.0142	LGALS3,HLA-DRB1,HLA-A,HLA-DPA1,HLA-DPB1
GO:0001914	Regulation of cell mediated cytotoxicity	3	33	1.46	0.0146	ILTR,HLA-A,B2M
GO:0002520	Immune system development	9	652	0.65	0.0146	CD74,LGALS1,ILTR,HLA-DRB1,JUN,LTB,KLF6,B2M,TNFAIP3
GO:0058852	T cell receptor signaling pathway	5	167	0.98	0.0148	HLA-DRB1,HLA-DRA,HLA-A,HLA-DPA1,HLA-DPB1
GO:0009628	Response to abiotic stimulus	12	1147	0.53	0.0151	NFKBIA,DUSP1,BTG2,UCP2,PPAIP1,CRP1,LMNA,JUN,TSC2D3,RGCC,UBC,TXNP
GO:0051482	Regulation of stress fiber assembly	4	85	1.16	0.0151	PP1N1,S100A10,RGCC,ACTG1
GO:0051651	Maintenance of location in cell	4	91	1.15	0.0162	TMSB10,SRGN,FTH1,TMSB4X
GO:0010646	Regulation of cell communication	23	3514	0.32	0.0163	CD74,PPP1R15A,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,ARHGDB1,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,ILTR,PPAIP1,HLA-DRB1,RGS1,LMNA,S100A4,JUN,RGCC,TMSB4X,MYADM,DDT,UBC,TNFAIP3
GO:0071900	Regulation of protein serine/threonine kinase activity	8	521	0.69	0.0163	CD74,GADD45B,DUSP1,DUSP4,ACTB,RGCC,UBC,TNFAIP3
GO:0051100	Negative regulation of binding	5	173	0.97	0.0166	NFKBIA,ACTB,TNFAIP3,TMSB4X,B2M
GO:0010639	Negative regulation of organelle organization	7	395	0.75	0.0174	PP1N1,TMSB10,H3F3B,LMNA,RGCC,TMSB4X,MYADM
GO:0070232	Regulation of cell apoptotic process	3	36	1.43	0.0174	LGALS3,ILTR,TSC2D3
GO:0001818	Negative regulation of cytokine production	6	280	0.84	0.0182	SRGN,HLA-DRB1,RGCC,TMSB4X,ZFP96,TNFAIP3
GO:0002051	Regulation of signaling	23	3563	0.32	0.0182	CD74,PPP1R15A,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,ARHGDB1,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,BTG2,CRP1,ACTB,HLA-DRB1,RGS1,LMNA,S100A4,JUN,RGCC,TMSB4X,MYADM,DDT,UBC,TNFAIP3
GO:0045185	Maintenance of protein location	4	97	1.12	0.0191	NFKBIA,TMSB10,SRGN,TMSB4X
GO:0048856	Anatomical structure development	30	5402	0.25	0.0198	CD74,GADD45B,LGALS1,PP1N1,ARHGDB1,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,DNAJB1,H3F3B,CSRNP1,BTG2,ILTR,CRP1,ACTB,HLA-DRB1,TAGLN2,LMNA,S100A4,FAM46C,JUN,MYADM,LTB,KLF6,B2M,ACTG1,TXNP,IER2,ZFP96
GO:0022408	Negative regulation of cell-cell adhesion	5	183	0.94	0.0200	CD74,LGALS3,HLA-DRB1,RGCC,MYADM
GO:0009966	Regulation of signal transduction	21	3107	0.34	0.0206	CD74,PPP1R15A,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,ARHGDB1,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,ILTR,PPAIP1,HLA-DRB1,RGS1,LMNA,S100A4,JUN,TMSB4X,MYADM,DDT,UBC,TNFAIP3
GO:0001094	Positive regulation of developmental process	13	1389	0.48	0.0206	CD74,ILTR,HLA-DRB1,LMNA,S100A10,JUN,CLC1,RGCC,MYADM,IFITM1,B2M,ZFP96,TNFAIP3
GO:0070372	Regulation of erk1 and erk2 cascade	6	292	0.82	0.0213	CD74,DUSP1,DUSP4,HLA-DRB1,JUN,DDIT
GO:0045936	Negative regulation of phosphate metabolic process	8	561	0.66	0.0227	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DUSP4,LGALS3,JUN,MYADM,TNFAIP3
GO:0034813	Cellular protein localization	14	1610	0.45	0.0229	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,TMSB10,SRGN,GCC2,PPAIP1,LMNA,S100A10,TMSB4X,MYADM,UBC,TXNP,TNFAIP3
GO:0010527	Platelet aggregation	3	42	1.36	0.0229	ACTB,CLC1,ACTG1
GO:0019220	Regulation of phosphate metabolic process	15	1816	0.42	0.0242	CD74,PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DUSP4,LGALS3,ACTB,HLA-DRB1,JUN,RGCC,TMSB4X,MYADM,DDT,UBC,TNFAIP3
GO:0032649	Regulation of interferon-gamma production	4	108	1.08	0.0242	HLA-DRB1,HLA-A,HLA-DPA1,HLA-DPB1
GO:0051241	Negative regulation of multicellular organismal process	12	1231	0.5	0.0242	CD74,LGALS1,NFKBIA,ARHGDB1,SRGN,HLA-DRB1,LMNA,RGCC,TMSB4X,B2M,ZFP96,TNFAIP3
GO:0010208	Regulation of cellular protein metabolic process	19	2693	0.35	0.0244	CD74,PPP1R15A,GADD45B,NFKBIA,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,BTG2,PPAIP1,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,JUN,RGCC,MYADM,DDT,UBC,ZFP96,TNFAIP3
GO:0048854	Positive regulation of viral process	4	108	1.07	0.0255	CD74,LGALS1,HLA-DRB1,JUN
GO:0072594	Establishment of protein localization to organelle	7	433	0.71	0.0259	NFKBIA,GCC2,PPAIP1,LMNA,UBC,TXNP,TNFAIP3
GO:0007253	Cytoplasmic sequestering of nf-kappab	2	8	1.9	0.0260	NFKBIA,TMSB4X
GO:0002274	Myeloid leukocyte activation	8	585	0.64	0.0269	LGALS3,COTL1,FTH1,TUBB4B,JUN,HLA-C,YPEL5,B2M
GO:0003365	Protein localization to organelle	9	743	0.59	0.0269	PPP1R15A,NFKBIA,SRGN,GCC2,PPAIP1,LMNA,UBC,TXNP,TNFAIP3
GO:0051234	Establishment of localization	26	4479	0.27	0.0269	CD74,NFKBIA,SRGN,LGALS3,COTL1,FTH1,GCC2,UCP2,PPAIP1,TUBB4B,ACTB,TAGLN2,LMNA,S100A10,TSC2D3,CLC1,HLA-C,YPEL5,TMSB4X,ARPC1B,UBC,B2M,ACTG1,TXNP,ZFP96,TNFAIP3
GO:0009968	Negative regulation of signal transduction	12	1211	0.48	0.0301	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,DUSP1,DUSP4,LGALS3,RGS1,LMNA,TMSB4X,MYADM,UBC,TNFAIP3
GO:0014070	Response to organic cyclic compound	10	911	0.55	0.0301	LGALS1,NFKBIA,DUSP1,BTG2,PPAIP1,ACTB,JUN,ARPC1B,TXNP,ZFP96
GO:0031389	Regulation of protein modification process	15	1870	0.41	0.0304	CD74,PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DUSP4,LGALS3,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,JUN,RGCC,MYADM,DDT,UBC,TNFAIP3
GO:0045595	Regulation of cell differentiation	15	1874	0.41	0.0310	CD74,LGALS1,NFKBIA,LGALS3,H3F3B,ILTR,HLA-DRB1,S100A10,JUN,CLC1,RGCC,MYADM,IFITM1,B2M,ZFP96
GO:0006915	Apoptotic process	10	918	0.54	0.0314	PPP1R15A,GADD45B,LGALS1,NFKBIA,SRGN,CSRNP1,PPAIP1,CRP1,JUN,TNFAIP3
GO:0051179	Localization	30	5591	0.24	0.0319	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,TMSB10,SRGN,LGALS3,COTL1,FTH1,GCC2,UCP2,PPAIP1,TUBB4B,ACTB,TAGLN2,LMNA,S100A10,TSC2D3,CLC1,HLA-C,YPEL5,TMSB4X,MYADM,ARPC1B,UBC,B2M,ACTG1,TXNP,IER2,ZFP96,TNFAIP3
GO:0000028	Regulation of multicellular organismal development	16	2098	0.39	0.0321	CD74,LGALS1,NFKBIA,PP1N1,ARHGDB1,SRGN,LGALS3,H3F3B,ILTR,HLA-DRB1,JUN,RGCC,MYADM,B2M,ZFP96,TNFAIP3
GO:0031400	Negative regulation of protein modification process	8	602	0.63	0.0330	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DUSP4,LGALS3,JUN,MYADM,TNFAIP3
GO:0042542	Response to hydrogen peroxide	4	119	1.03	0.0334	DUSP1,JUN,TXNP,TNFAIP3
GO:0002347	Response to tumor cell	2	10	1.81	0.0351	HLA-A,TXNP
GO:0042989	Sequestering of actin monomers	2	10	1.81	0.0351	TMSB10,TMSB4X
GO:0011216	Cellular response to biotic stimulus	5	219	0.86	0.0369	NFKBIA,B2M,TXNP,ZFP96,TNFAIP3
GO:0007010	Cytoskeleton organization	11	1126	0.5	0.0380	PP1N1,TMSB10,GCC2,TUBB4B,ACTB,HLA-DRB1,LMNA,TMSB4X,ARPC1B,ACTG1,TNFAIP3
GO:0008104	Protein localization	16	2139	0.38	0.0384	CD74,PPP1R15A,NFKBIA,TMSB10,SRGN,GCC2,PPAIP1,ACTB,LMNA,S100A10,TMSB4X,MYADM,UBC,ACTG1,TXNP,TNFAIP3
GO:0048534	Hematopoietic or lymphoid organ development	8	619	0.62	0.0384	CD74,LGALS1,ILTR,HLA-DRB1,JUN,LTB,KLF6,B2M
GO:0051101	Regulation of dna binding	4	128	1.0	0.0416	NFKBIA,JUN,TMSB4X,IL32
GO:0009617	Response to bacterium	8	634	0.61	0.0436	NFKBIA,HLA-DRB1,RGS1,JUN,HLA-A,B2M,ZFP96,TNFAIP3
GO:0043312	Neutrophil degranulation	7	484	0.67	0.0436	LGALS3,COTL1,FTH1,TUBB4B,HLA-C,YPEL5,B2M
GO:0008010	Transport	25	4353	0.27	0.0441	CD74,NFKBIA,SRGN,LGALS3,COTL1,FTH1,GCC2,UCP2,PPAIP1,TUBB4B,ACTB,TAGLN2,LMNA,S100A10,TSC2D3,CLC1,HLA-C,YPEL5,TMSB4X,ARPC1B,UBC,B2M,ACTG1,TXNP,ZFP96
GO:0043382	Negative regulation of dna binding	3	56	1.24	0.0443	NFKBIA,JUN,TMSB4X
GO:0060213	Positive regulation of nuclear-transcribed mma poly(a) tail shortening	2	12	1.73	0.0452	BTG2,ZFP96
GO:0101005	Protein localization to cell-cell junction	2	12	1.73	0.0452	ACTB,ACTG1
GO:0010605	Negative regulation of macromolecule metabolic process	19	2875	0.33	0.0463	PPP1R15A,GADD45B,DUSP1,DUSP4,SRGN,LGALS3,DNAJB1,H3F3B,BTG2,HLA-DRB1,FAM46C,JUN,RGCC,TMSB4X,MYADM,UBC,TXNP,ZFP96,TNFAIP3
GO:0006971	Positive regulation of lymphocyte proliferation	4	134	0.88	0.0465	CD74,HLA-A,HLA-DPA1,HLA-DPB1
GO:0002720	Positive regulation of cytokine production involved in immune response	3	59	1.21	0.0465	CD74,HLA-A,B2M
GO:1902041	Regulation of extrinsic apoptotic signaling pathway via death domain receptors	3	59	1.21	0.0485	LGALS3,PPAIP1,TNFAIP3
GO:0045597	Positive regulation of cell differentiation	10	993	0.51	0.0484	CD74,ILTR,HLA-DRB1,S100A10,JUN,CLC1,RGCC,MYADM,IFITM1,ZFP96
GO:0097201	Negative regulation of transcription from rna polymerase ii promoter in response to stress	2	13	1.69	0.0484	DNAJB1,JUN