

Supplementary Table. Logistic regression analysis for DNA repair gene polymorphisms and the risk of NHL.

SNPs	Controls	NHL				DLBCL				Follicular			
		Cases	OR ^a	95% CI	P	Cases	OR ^a	95% CI	P	Cases	OR ^a	95% CI	P
Base excision repair													
OGG1													
Ex6 -315 C>G (rs1052133)													
Ser326Cys													
CC	277	331	Ref.			104	Ref.			123	Ref.		
CG	193	194	0.84	0.65-1.08	0.17	67	0.89	0.62-1.29	0.54	71	0.81	0.57-1.15	0.25
GG	30	24	0.64	0.36-1.14	0.13	6	0.47	0.18-1.19	0.11	12	0.92	0.44-1.89	0.82
CG+GG	223	218	0.81	0.63-1.04	0.10	73	0.83	0.59-1.19	0.32	83	0.83	0.59-1.16	0.26
Trend			0.82	0.67-1.01	0.06		0.81	0.60-1.09	0.16		0.88	0.66-1.16	0.36
PARP4													
Ex31 +172 G>C (rs13428)													
Gly1280Arg													
CC	220	228	Ref.			72	Ref.			77	Ref.		
CG	197	240	1.14	0.88-1.49	0.32	78	1.14	0.78-1.67	0.50	99	1.45	1.01-2.08	0.04
GG	69	67	0.91	0.62-1.34	0.62	22	0.89	0.51-1.57	0.70	24	0.97	0.56-1.66	0.90
CG+GG	266	307	1.08	0.84-1.39	0.53	100	1.08	0.75-1.54	0.67	123	1.32	0.94-1.86	0.11
Trend			1.00	0.84-1.20	0.99		0.99	0.77-1.28	0.96		1.09	0.86-1.39	0.48
Nucleotide excision repair													
ERCC1													
IVS5 +33 A>C (rs3212961)													
CC	381	424	Ref.			142	Ref.			162	Ref.		
CA	112	121	0.94	0.70-1.27	0.70	36	0.82	0.53-1.27	0.38	42	0.90	0.60-1.35	0.60
AA	6	11	1.48	0.53-4.12	0.46	2				5	1.90	0.54-6.63	0.32
CA+AA	118	132	0.97	0.73-1.30	0.84	38	0.82	0.54-1.25	0.36	47	0.95	0.64-1.40	0.79
Trend			1.00	0.77-1.30	0.98		0.83	0.54-1.23	0.36		1.01	0.71-1.43	0.97
ERCC2													
Ex10 -16 C>T (rs1799793)													
Asp312Asn													
GG	238	272	Ref.			89	Ref.			95	Ref.		

GA	211	210	0.88	0.68- 1.14	0.34	67	0.85	0.59- 1.24	0.41	85	1.05	0.74- 1.50	0.78
AA	52	72	1.24	0.84- 1.86	0.28	22	1.20	0.68- 2.10	0.53	30	1.46	0.87- 2.45	0.15
GA+AA	263	282	0.95	0.75- 1.22	0.70	89	0.92	0.65- 1.31	0.65	115	1.13	0.81- 1.58	0.46
Trend			1.04	0.87- 1.24	0.70		1.01	0.78- 1.31	0.94		1.16	0.91- 1.48	0.22

Ex23 +61 A>C
(rs13181)

Lys751Gln

AA	210	239	Ref.			72	Ref.			91	Ref.		
AC	211	229	0.97	0.74- 1.26	0.79	70	0.99	0.67- 1.46	0.95	91	1.01	0.71- 1.43	0.97
CC	57	74	1.19	0.80- 1.76	0.39	34	1.88	1.13- 3.14	0.02	22	0.90	0.51- 1.57	0.71
AC+CC	268	303	1.01	0.79- 1.30	0.93	104	1.17	0.82- 1.68	0.38	113	0.98	0.70- 1.38	0.92
Trend			1.05	0.88- 1.26	0.58		1.28	1.00- 1.65	0.05		0.97	0.75- 1.24	0.79

ERCC5

Ex15 -344 G>C
(rs17655)

Asp1104His

GG	294	340	Ref.			109	Ref.			125	Ref.		
GC	163	170	0.87	0.66- 1.14	0.31	52	0.84	0.57- 1.24	0.37	70	0.95	0.66- 1.36	0.78
CC	27	30	0.94	0.54- 1.63	0.83	11	1.11	0.52- 2.36	0.78	11	0.90	0.43- 1.89	0.78
CG + GG	190	200	0.88	0.68- 1.14	0.32	63	0.88	0.60- 1.27	0.48	81	0.94	0.67- 1.33	0.73
Trend			0.92	0.74- 1.13	0.42		0.94	0.70- 1.27	0.69		0.95	0.72- 1.26	0.71

**Double strand
break repair**

BRCA1

Ex12 -984 A>G
(rs16941)

Glu997Gly

AA	240	251	Ref.			77	Ref.			90	Ref.		
AG	206	241	1.14	0.88- 1.48	0.31	81	1.21	0.83- 1.75	0.32	97	1.31	0.93- 1.86	0.12
GG	54	64	1.08	0.72- 1.63	0.70	21	1.06	0.59- 1.90	0.85	22	1.05	0.59- 1.84	0.88
AG+GG	260	305	1.13	0.89- 1.44	0.32	102	1.18	0.83- 1.67	0.37	119	1.26	0.90- 1.75	0.18
Trend			1.07	0.90- 1.29	0.44		1.08	0.84- 1.40	0.54		1.11	0.87- 1.42	0.39

Ex17 -150 A>G
(rs1799966)
Ser1572Gly

AA	239	250	Ref.			77	Ref.			90	Ref.		
AG	203	232	1.12	0.86- 1.45	0.41	79	1.20	0.83- 1.74	0.33	93	1.26	0.89- 1.79	0.19
GG	53	65	1.13	0.75- 1.71	0.54	22	1.16	0.65- 2.06	0.61	21	1.03	0.58- 1.83	0.91
AG+GG	256	297	1.12	0.88- 1.43	0.37	101	1.19	0.84- 1.70	0.33	114	1.21	0.87- 1.69	0.25
Trend			1.08	0.90- 1.30	0.40		1.11	0.86- 1.44	0.41		1.10	0.86- 1.40	0.47

Ex17 -31 G>A
(rs1799967)
Met1611Ile

GG	482	541	Ref.			174	Ref.			204	Ref.		
GA	14	10	0.61	0.27- 1.40	0.25	4	0.70	0.22- 2.21	0.54	4	0.71	0.23- 2.23	0.56

BRCA2

Ex10 +72 A>C
(rs766173)
Asn289His

AA	470	524	Ref.			168	Ref.			199	Ref.		
AC	31	29	0.83	0.49- 1.41	0.48	9	0.76	0.35- 1.67	0.50	11	0.78	0.38- 1.62	0.51

Ex10 +321 A>C
(rs144848)

Asn372His

AA	246	271	Ref.			88	Ref.			109	Ref.		
AC	203	236	1.05	0.81- 1.35	0.73	72	0.96	0.66- 1.39	0.84	85	0.98	0.69- 1.39	0.92
CC	49	49	0.93	0.60- 1.44	0.76	20	1.24	0.69- 2.22	0.47	14	0.70	0.37- 1.32	0.27
AC+CC	252	285	1.02	0.80- 1.31	0.84	92	1.01	0.72- 1.43	0.94	99	0.93	0.66- 1.29	0.65
Trend			1.00	0.83- 1.20	0.97		1.06	0.82- 1.37	0.67		0.90	0.69- 1.16	0.40

LIG4

Ex2 +54 C>T
(rs1805388)

Thr9Ile

CC	336	372	Ref.			125	Ref.			132	Ref.		
CT	148	164	1.02	0.78- 1.33	0.89	49	0.95	0.64- 1.40	0.80	68	1.16	0.81- 1.66	0.42
TT	13	14	0.95	0.44- 0.90	0.90	3	0.59	0.16- 0.42	0.42	8	1.60	0.63- 0.32	0.32

CT+TT	161	178	1.01	2.08- 0.78- 1.32	0.92	52	0.92	2.13- 0.63- 1.34	0.66	76	1.19	4.06- 0.84- 1.69	0.32
Trend			1.01	0.80- 1.27	0.96		0.90	0.64- 1.26	0.53		1.20	0.88- 1.62	0.25

WRN

Ex4 -16 G>A
(rs2230009)
Val114Ile

GG	439	473	Ref.			149	Ref.			183	Ref.		
GA	45	58	1.22	0.81- 1.85	0.34	15	0.98	0.53- 1.83	0.96	23	1.25	0.73- 2.14	0.41
AA	2												
GA+AA	47	58	1.17	0.78- 1.77	0.44	15	0.94	0.51- 1.75	0.84	23	1.20	0.70- 2.05	0.50
Trend			1.12	0.75- 1.66	0.59		0.90	0.50- 1.64	0.74		1.14	0.68- 1.92	0.61

Ex34 -93 T>C
(rs1346044)
Cys1367Arg

TT	292	315	Ref.			96	Ref.			129	Ref.		
TC	178	203	1.07	0.83- 1.39	0.60	71	1.25	0.86- 1.80	0.24	68	0.87	0.61- 1.24	0.45
CC	33	38	1.02	0.62- 1.68	0.93	11	0.91	0.43- 1.92	0.80	14	0.91	0.47- 1.80	0.80
TC+CC	211	241	1.06	0.83- 1.36	0.62	82	1.19	0.84- 1.70	0.33	82	0.88	0.63- 1.23	0.45
Trend			1.04	0.85- 1.27	0.70		1.09	0.82- 1.44	0.56		0.92	0.70- 1.20	0.52

XRCC3

Ex8 -53 C>T
(rs861539)
Thr241Met

CC	204	229	Ref.			75	Ref.			98	Ref.		
CT	240	243	0.91	0.70- 1.19	0.49	74	0.85	0.58- 1.23	0.39	81	0.73	0.51- 1.04	0.08
TT	53	83	1.43	0.96- 2.12	0.08	28	1.44	0.84- 2.47	0.18	32	1.34	0.80- 2.23	0.26
CT+TT	293	326	1.01	0.78- 1.29	0.97	102	0.95	0.67- 1.36	0.80	113	0.84	0.60- 1.17	0.30
Trend			1.11	0.92- 1.33	0.27		1.10	0.85- 1.42	0.49		1.02	0.80- 1.30	0.90

RAG1

Ex2 +2473 A>G
(rs2227973)
Lys820Arg

AA	388	441	Ref.			138	Ref.			164	Ref.		
AG	94	102	0.87	0.63- 1.20	0.39	36	0.95	0.60- 1.50	0.83	40	0.91	0.59- 1.40	0.67
GG	12	10	0.61	0.25- 1.48	0.27	5	0.96	0.32- 2.91	0.94	4	0.65	0.19- 2.20	0.49
AG+GG	106	112	0.84	0.62- 1.15	0.27	41	0.95	0.62- 1.47	0.82	44	0.89	0.58- 1.34	0.57
Trend			0.84	0.64- 1.10	0.20		0.96	0.66- 1.40	0.84		0.88	0.61- 1.26	0.48

Mismatch repair

MSH2

Ex6 +23 G>A

(rs4987188)

Gly322Asp

GG	482	540	Ref.			174	Ref.			201	Ref.		
GA	16	15	0.87	0.42- 1.78	0.70	4	0.74	0.24- 2.27	0.60	8	1.34	0.56- 3.21	0.51

^a Adjusted for age, sex, residence and ethnicity.