

Table S3. False discovery rates for each allele frequency class at various thresholds for the X chromosome.

minStat cuto	Starting allele frequency									
	0.50	0.45	0.40	0.35	0.30	0.25	0.20	0.15	0.10	0.05
>.05	0.944	0.966	0.967	0.960	0.953	0.970	0.900	0.799	0.631	0.459
>.10	0.945	0.959	0.966	0.969	0.967	1.008	0.992	1.007	1.044	1.059
>.15	0.908	0.923	0.927	0.936	0.928	0.976	0.955	1.001	1.130	1.075
>.20	0.844	0.867	0.875	0.888	0.880	0.917	0.895	0.927	1.067	0.945
>.25	0.763	0.793	0.807	0.806	0.793	0.840	0.803	0.810	0.904	0.716
>.30	0.658	0.700	0.719	0.709	0.683	0.721	0.684	0.648	0.683	0.501
>.35	0.568	0.620	0.624	0.602	0.579	0.606	0.546	0.520	0.490	0.329
>.40	0.497	0.557	0.549	0.501	0.488	0.523	0.444	0.408	0.363	0.210
>.45	0.420	0.471	0.463	0.402	0.378	0.403	0.337	0.289	0.241	0.125
>.50	0.381	0.433	0.418	0.345	0.309	0.336	0.259	0.229	0.178	0.087
>.55	0.301	0.337	0.324	0.264	0.226	0.225	0.167	0.148	0.091	0.039
>.60	0.268	0.281	0.264	0.206	0.175	0.176	0.127	0.106	0.059	0.025
>.65	0.229	0.223	0.217	0.154	0.121	0.134	0.082	0.070	0.033	0.013
>.70	0.194	0.179	0.172	0.128	0.091	0.095	0.052	0.048	0.016	0.006
>.75	0.169	0.150	0.132	0.113	0.080	0.063	0.039	0.034	0.008	0.001
>.80	0.148	0.126	0.106	0.080	0.062	0.035	0.030	0.023	0.006	0.000
>.85	0.177	0.115	0.103	0.072	0.033	0.019	0.014	0.004	0.002	0.000
>.90	0.133	0.120	0.074	0.057	0.024	0.012	0.009	0.004	0.000	0.000
>.95	0.023	0.016	0.007	0.039	0.009	0.000	0.007	0.000	0.000	0.000