

Cell Type	Superpopulation	Significant	mean(max(R^2))
K562	AFR	0	0.193
		1	0.163
	AMR	0	0.242
		1	0.216
	EAS	0	0.163
		1	0.137
	EUR	0	0.191
		1	0.162
	SAS	0	0.172
		1	0.144
GM12878	AFR	0	0.161
		1	0.141
	AMR	0	0.202
		1	0.183
	EAS	0	0.145
		1	0.123
	EUR	0	0.167
		1	0.145
	SAS	0	0.152
		1	0.129
IMR90	AFR	0	0.198
		1	0.165
	AMR	0	0.242
		1	0.209
	EAS	0	0.177
		1	0.145
	EUR	0	0.203
		1	0.169
	SAS	0	0.186
		1	0.153
NHEK	AFR	0	0.216
		1	0.175
	AMR	0	0.267
		1	0.233
	EAS	0	0.167
		1	0.133
	EUR	0	0.200
		1	0.166
	SAS	0	0.177
		1	0.142
HUVEC	AFR	0	0.209
		1	0.176
	AMR	0	0.260
		1	0.230
	EAS	0	0.166
		1	0.139
	EUR	0	0.199
		1	0.169
	SAS	0	0.178
		0	0.178

Continued on next page

Cell Type	Superpopulation	Significant	mean(max(R^2))
Mon	AFR	1	0.149
		0	0.151
	AMR	1	0.145
		0	0.192
	EAS	1	0.183
		0	0.149
	EUR	1	0.145
		0	0.164
	SAS	1	0.158
		0	0.152
Mac0	AFR	1	0.146
		0	0.142
	AMR	1	0.124
		0	0.183
	EAS	1	0.160
		0	0.139
	EUR	1	0.122
		0	0.155
	SAS	1	0.136
		0	0.143
Mac1	AFR	1	0.124
		0	0.147
	AMR	1	0.134
		0	0.188
	EAS	1	0.171
		0	0.144
	EUR	1	0.133
		0	0.160
	SAS	1	0.146
		0	0.148
Mac2	AFR	1	0.136
		0	0.146
	AMR	1	0.141
		0	0.187
	EAS	1	0.178
		0	0.144
	EUR	1	0.139
		0	0.159
	SAS	1	0.154
		0	0.147
Neu	AFR	1	0.142
		0	0.157
	AMR	1	0.174
		0	0.198
	EAS	1	0.212
		0	0.155
	EUR	1	0.170
		0	0.171
		1	0.184

Continued on next page

Cell Type	Superpopulation	Significant	mean(max(R^2))
MK	SAS	0	0.159
		1	0.171
	AFR	0	0.160
		1	0.162
	AMR	0	0.202
		1	0.200
	EAS	0	0.159
		1	0.163
	EUR	0	0.175
		1	0.177
EP	SAS	0	0.162
		1	0.165
	AFR	0	0.148
		1	0.141
	AMR	0	0.190
		1	0.177
	EAS	0	0.145
		1	0.140
	EUR	0	0.161
		1	0.154
Ery	SAS	0	0.148
		1	0.144
	AFR	0	0.148
		1	0.162
	AMR	0	0.189
		1	0.199
	EAS	0	0.146
		1	0.161
	EUR	0	0.162
		1	0.177
FoeT	SAS	0	0.149
		1	0.163
	AFR	0	0.128
		1	0.131
	AMR	0	0.168
		1	0.169
	EAS	0	0.125
		1	0.132
	EUR	0	0.139
		1	0.144
nCD4	SAS	0	0.128
		1	0.133
	AFR	0	0.149
		1	0.151
	AMR	0	0.191
		1	0.190
	EAS	0	0.148
		1	0.153
	EUR	0	0.163
		0	0.163

Continued on next page

Cell Type	Superpopulation	Significant	mean(max(R^2))
tCD4	SAS	1	0.166
		0	0.151
	AFR	1	0.155
		0	0.139
	AMR	1	0.141
		0	0.179
	EAS	1	0.180
		0	0.137
	EUR	1	0.143
		0	0.151
	SAS	1	0.156
		0	0.140
aCD4	AFR	1	0.144
		0	0.151
	AMR	1	0.151
		0	0.192
	EAS	1	0.191
		0	0.149
	EUR	1	0.154
		0	0.165
	SAS	1	0.168
		0	0.152
	AFR	1	0.155
		0	0.145
naCD4	AMR	1	0.145
		0	0.187
	EAS	1	0.184
		0	0.144
	EUR	1	0.147
		0	0.159
	SAS	1	0.161
		0	0.147
	AFR	1	0.148
		0	0.146
	AMR	1	0.151
		0	0.187
nCD8	EAS	1	0.190
		0	0.144
	EUR	1	0.153
		0	0.159
	SAS	1	0.165
		0	0.147
	AFR	1	0.154
		0	0.153
	AMR	1	0.155
		0	0.195
	EAS	1	0.194
		0	0.153
tCD8		1	0.160

Continued on next page

Cell Type	Superpopulation	Significant	mean(max(R^2))
nB	EUR	0	0.168
		1	0.172
	SAS	0	0.156
		1	0.160
	AFR	0	0.145
		1	0.142
	AMR	0	0.187
		1	0.180
	EAS	0	0.144
		1	0.144
	EUR	0	0.159
		1	0.157
tB	SAS	0	0.146
		1	0.145
	AFR	0	0.143
		1	0.141
	AMR	0	0.184
		1	0.178
	EAS	0	0.141
		1	0.143
	EUR	0	0.156
		1	0.155
	SAS	0	0.144
		1	0.144

Supplemental Table 2. The maximum pairwise LD between SNPs was computed for SNPs located on the fragments of statistically significant and distance-matched non-significant chromatin interactions (*interaction LD*) in 5 Hi-C and 17 PCHi-C datasets. The mean interaction LD per cell type is given for statistically significant (1) and non-significant (0) interactions.