| **Фенотип** | **Источник (ссылка на SS)** | **Размер выборки** | **Дефениция фенотипа** | **Страна** | **Этническое**  **происхождение** | **Ссылка** |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Депрессия | [pgc\_mdd\_NO](https://www.med.unc.edu/pgc/files/2020/02/PGC-MDD-No-UKB-No-23andMe-README.txt):  1. [PGC MDD](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3837431/)  2. [deCODE](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3837431/#SD1)  3. [GenScotland](http://sci-hub.do/10.1093/ije/dys084)  4. [GERA](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4574246/)  5. [iPSYCH](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5754466/) | 45,396 случаев и 97,250 контролей | 1. СДИ\*  2. ЭМК\*\*  3. СДИ  4. ЭМК  5. ЭМК | 1. Разные  2. Исландия  3. Британия  4. США  5. Дания | 1. Европейское  2. Европейское  3. Европейское - 99% (Шотландцы ~ 80%)  4. Белые участники нелатиноамериканского происхождения - 81%, меньшинства - 19%  5. Датчане - 86,6%, меньшинства - 13,4% | [Ссылка](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5934326/) |
| [pgc\_ukb\_GW.N:](https://www.nature.com/articles/s41593-018-0326-7)  1. [UK Biobank](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5902628/)  2. PGC MDD (См. пункт выше) | 170,756 случаев и 329,443 контролей | 1. Минимальный фенотип/ЭМК  2. PGC MDD (См. пункт выше) | 1. Британия  2. PGC MDD (См. пункт выше) | 1. Британцы европейского происхождения  2. PGC MDD (См. пункт выше) | [Ссылка](https://www.nature.com/articles/s41593-018-0326-7) |
| LifetimeMDD  (из UK Biobank) | 16,301 случаев и 329,443 контролей | Электронное СДИ | Британия | Британцы европейского происхождения | [Ссылка](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32231276/) |
| GPpsy  (из UK Biobank) | 113,262 случаев и 219,360 контролей | Минимальный фенотип |
| Han\_Women.N | 5,303 случаев и 5,337 контролей | СДИ | Китай | Ханьские женщины | [Ссылка](https://www.nature.com/articles/nature14659) |
| Биполярное расстройство | PGC [BIP 2018](https://www.biorxiv.org/content/early/2018/01/24/173062) | 20,352 случаев и 31,358 контролей | СДИ/ЭМК | 14 стран из Европы, Северной Америки и Австралии | Европейское | [Ссылка](https://www.biorxiv.org/content/10.1101/173062v4.full) |
| Шизофрения  и ШАР | PGC SCZ\_wave3 | 67390 случаев и 94015 контролей | СДИ | Разные | 80% европейское, 20% - восточноазиатское | [Ссылка](https://www.medrxiv.org/content/10.1101/2020.09.12.20192922v1) |
| Тревожные расстройства\*\*\* | PGC [ANGST (Anxiety Neuro Genetics Study)](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26754954) | 20,352 случаев и 31,358 контролей | СДИ | США, Швейцария, Нидерланды, Германия, Австралия | Европейское | [Ссылка](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26754954/) |
| Нейротизм | [GPC](https://tweelingenregister.vu.nl/gpc) GPC-2Neuroticism (IRT) | 63,661 | Психометрические шкалы\*\*\*\* | Страны Европы, США, Австралия | Европейское | [Ссылка](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4667957/) |

\*Структурированное диагностическое интервью (СДИ)

\*\* Код МКБ-10/9 из электронной медицинской карты (ЭМК)

\*\*\* Генерализованное тревожное расстройство, паническое расстройство, социальная фобия, агорафобия, специфические фобии

\*\*\*\* NEO Personality Inventory, Eysenck Personality Questionnaire, International Personality Item Pool inventory, Cloninger’s Tridimensional Personality Questionnaire, Multidimensional Personality Questionnaire, EPQ Revised Short Form.

| **PRS** | **Ref.** | **Our phenotypes** | | | | |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | | ***HADS-D*** | ***HADS-A*** | ***Depression DSM*** | ***Bipolar disorder DSM*** | ***Anxiety DSM*** |
| Depression | <https://www.med.unc.edu/pgc/download-results/mdd/> (фенотипы PGC MDD No UKB / No 23andMe и 2019 PGC UKB Depression Genome-wide)  [UKBiobank depression GWAS summary stats](https://figshare.com/articles/dataset/UKBiobank_depression_PRS_weights/12140967) (фенотипы LifetimeMDD и GPsy)  Это PRS. Вот [SS](https://figshare.com/articles/UKBiobank_depression_GWAS_summary_stats/11733753) для этих черт  [Китайские депрессивные женщины](https://figshare.com/articles/GWAS_summary_statistics_on_Major_Depressive_Disorder/3840696) | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** |
| Bipolar disorder | <https://www.med.unc.edu/pgc/download-results/bip/?choice=Bipolar+Disorder+%28BIP%29Bipolar+Disorder+%28BIP%29> (Coleman 2020 MDD-BIPOLAR READM) СМ 2018 г! | **V** |  | **V** | **V** |  |
| Schizophrenia | <https://www.med.unc.edu/pgc/download-results/scz/> (Wave 3 Schizophrenia GWAS Meta-analysis Summary Statistics) | **V** |  | **V** | **V** |  |
| Anxiety disorders | <https://www.med.unc.edu/pgc/download-results/angst/?choice=Other+GWAS+DataAnxiety+Neuro+Genetics+Study+%28ANGST%29> | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** |
| Neuroticism | <https://tweelingenregister.vu.nl/gpc> | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** |

Other sum.stat.

<https://walters.psycm.cf.ac.uk/>

Female sex is an established risk factor for MDD, and analysis of chromosome X is particularly salient (although not included in many GWAS). Imputation using HapMap3 reference genotypes (as in the primary analysis) was not possible due to persisting difficulties with the phased chromosome X data, but we were able to impute using 1000 Genomes Project data.[52](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3837431/#R52) Chromosome X imputation was conducted for subjects passing QC for the autosomal analysis and with SNP call rates > 0.95 for chrX SNPs. SNPs with missingness ≥0.05 or HWE *P*<10−6 (females) were excluded. Phasing was conducted using MACH[53](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3837431/#R53) in female subjects. Imputation was performed separately for males and females using MINIMAC with haplotypes from 381 European samples from the 1000 Genomes Project as reference (1.45 million chrX SNPs, but many were monomorphic in our sample). Chromosome X SNPs in HapMap2 and HapMap3 with *r*2≥0.3 were carried forward for further analysis (122 602 SNPs). Association was tested under an additive logistic regression model implemented in PLINK (meta-analysis of male and female association results) using the same covariates as for the autosomal analysis.

| **PRS** | **Ref.** | **Our phenotypes** | | | | |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | | ***HADS-D.linear***  (-/-) | ***HADS-A.linear***  (+/-) | ***Depression DSM***  (-/-) | ***Bipolar dis. DSM***  (-/-) | ***Anxiety DSM***  (+/+) | ***HADS-D.categ***  (-/-) | ***HADS-A.categ***  (+/-) |
| Depression | 1. pgc\_mdd\_NO  2. pgc\_ukb\_GW.N  3. LifetimeMDD  4. GPpsy  5. Han\_Women.N | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** |
| Bipolar disorder | PGC\_BIP | **V** |  | **V** | **V** |  | **V** |  |
| Schizophrenia | SCZ\_wave3  SCZ\_wave2 | **V** |  | **V** | **V** |  | **V** |  |
| Anxiety disorders | anxiety.cc  anxiety.fs | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** |
| Neuroticism | GPC-2.NEURO | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** | **V** |

з.ы.

1. N означает что в SS не было показателя N, и я вставил туда число cо статей, чтобы ldsc работал. ldsc по умолчанию отфильтровывает снипы, в которых N (90th percentile N / 2 ). По сути, в этих гвасах фильтрация не работает так как N=const, и везде она одинакова среди снипов. И это отражается на наследуемости

2. Согласно отчетам по наследуемости ldsc, я выбрал гвасы наши, анализ которых не несет смысла - наследуемость в CI пересекат 0, или отрицательная вообще.   
В виде (+/-), где первый знак для полной выборки, второй - для маленькой. + значит что все ок, - что результат едва ли может быть достоверным.

/