COLOC visualisation

Jack Humphrey

2020-07-08

```
knitr::opts_chunk$set(warning = FALSE, echo = FALSE, message = FALSE)
library(tidyverse)
## -- Attaching packages
## v ggplot2 3.3.2
                     v purrr
                              0.3.4
## v tibble 3.0.1
                     v dplyr
                              1.0.0
## v tidyr
           1.1.0
                     v stringr 1.4.0
## v readr
            1.3.1
                     v forcats 0.5.0
## Warning: package 'ggplot2' was built under R version 3.6.2
## Warning: package 'tibble' was built under R version 3.6.2
## Warning: package 'tidyr' was built under R version 3.6.2
## Warning: package 'purrr' was built under R version 3.6.2
## Warning: package 'dplyr' was built under R version 3.6.2
## -- Conflicts -----
## x dplyr::filter() masks stats::filter()
## x dplyr::lag()
                   masks stats::lag()
library(ggrepel)
```

Read in COLOC eQTL results

create separate disease plots for Daner and Stahl GWAS results.

```
##
##
          Daner_2020
                             IMSGC_2019
                                                                  Kunkle_2019
                                               Jansen_2018
              116865
                                  400284
                                                      73334
                                                                         45503
##
                                                                 Nicolas_2018
##
        Lambert_2013
                           Marioni_2018 Nalls23andMe_2019
                                                                         20717
##
               44487
                                 197941
                                                     241487
          Ripke_2014
                             Stahl_2019
                                                 Wray_2018
##
##
              193878
                                   66964
                                                      46652
##
##
                   DLPFC_ROSMAP
                                       Microglia_all_regions
                          22897
##
##
    Microglia_all_regions_sQTL Microglia_all_regions_Young
##
                         172996
##
                  Microglia_MFG
                                          Microglia_sQTL_MFG
##
                          30293
                                                       209370
##
            Microglia_sQTL_STG
                                          Microglia_sQTL_SVZ
##
                         211254
                                                       226093
                                               Microglia_STG
##
            Microglia_sQTL_THA
```

```
##
                         210780
                                                        30293
##
                  Microglia_SVZ
                                                Microglia_THA
                          30293
##
                                                        30293
##
               Microglia_Young
                                           Monocytes_Fairfax
##
                          41545
                                                        30799
##
                 Monocytes_MyND
                                         Monocytes_sQTL_MyND
##
                          31625
                                                       114826
```

Fixing AD loci

4 different GWAS - all use different names for the same locus

```
## [1] 41
    [1] "ADAMTS4"
                      "ABCA7"
                                     "SCIMP"
                                                   "ADAM10"
                                                                 "KAT8"
##
                                                                 "PICALM"
##
    [6] "PILRA"
                      "CASS4"
                                    "SORL1"
                                                  "APH1B"
## [11] "TREM2"
                                                  "CD2AP"
                      "APOE"
                                    "AC074212.3"
                                                                 "HLA/DRB"
   [16] "ABI3"
                      "EPHA1"
                                    "CD33"
                                                   "CR1"
                                                                 "MS4A6A"
##
   [21]
        "HS3ST1"
                      "CLU"
                                    "BIN1"
                                                  "BZRAP1-AS1" "SLC24A4"
   [26]
       "INPP5D"
                      "ECHDC3"
                                    "CLNK"
                                                   "HESX1"
                                                                 "SUZ12P1"
                                    "SPI1"
   [31] "ALPK2"
                      "CNTNAP2"
                                                   "IQCK"
                                                                 "ACE"
                                                   "MEF2C"
                                                                 "NME8"
   [36] "FERMT2"
                      "XOWW"
                                    "ADAMTS1"
  [41] "DSG2"
```

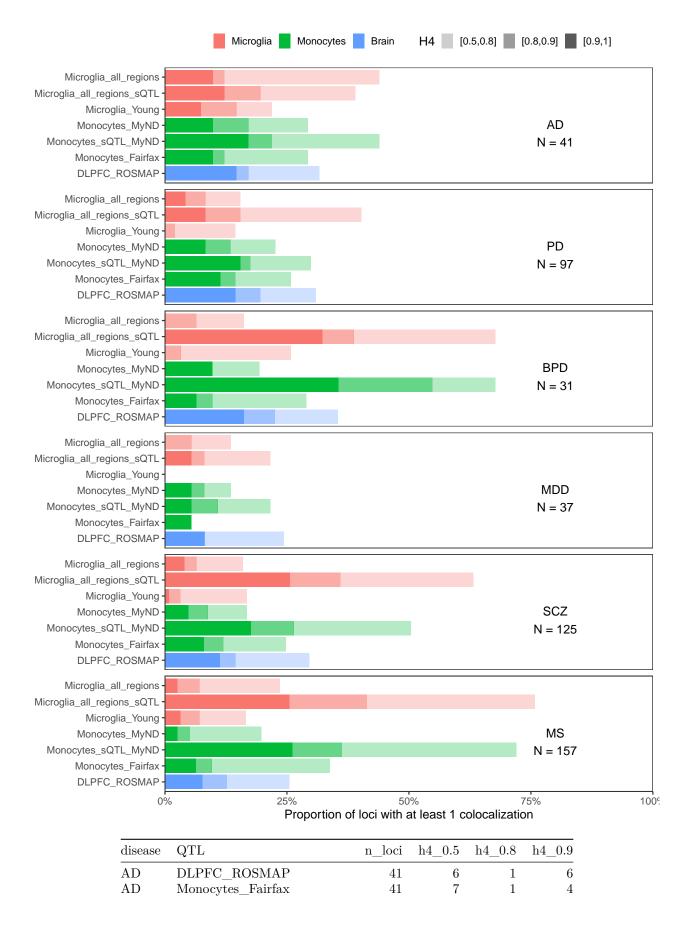
Summarising COLOC results

How many COLOC hits at 0.8 in each disease?

multiple GWAS for the same disease - same locus comes up mutiple times sQTLs - multiple junctions for each QTL

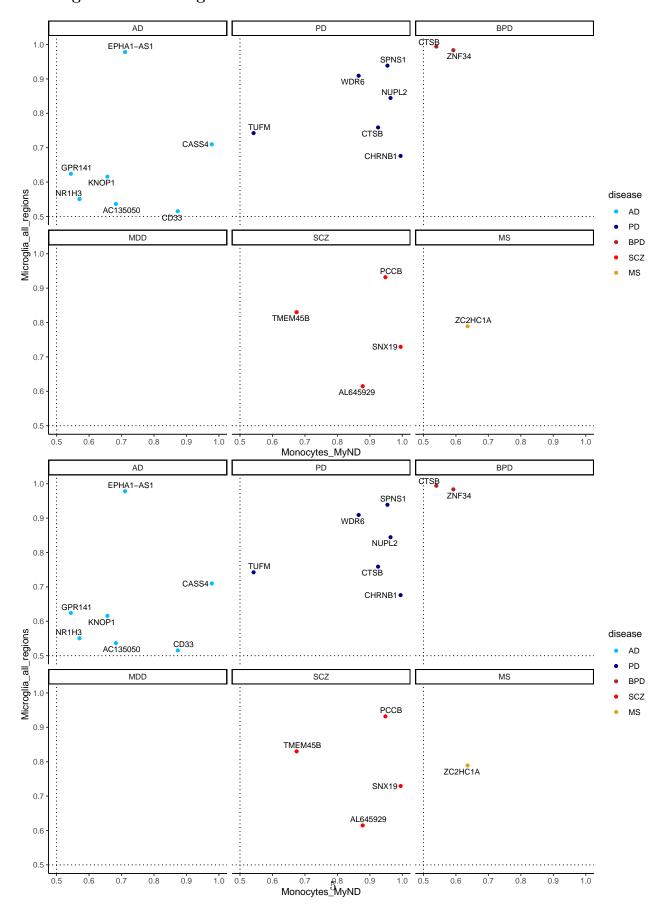
Summary counts

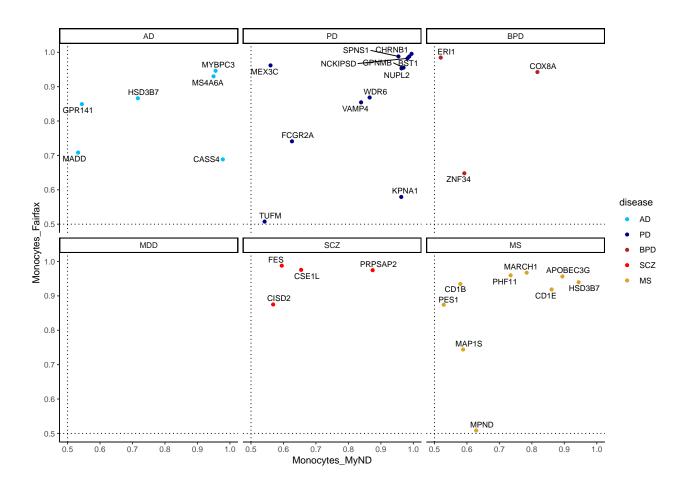
For each disease GWAS - or union of GWAS, of the total number of loci, how many have at least 1 COLOC $\mathrm{H4} > 0.8$?

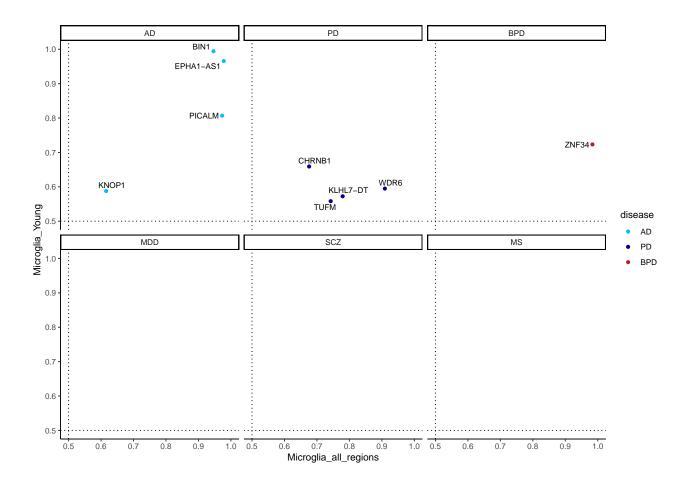


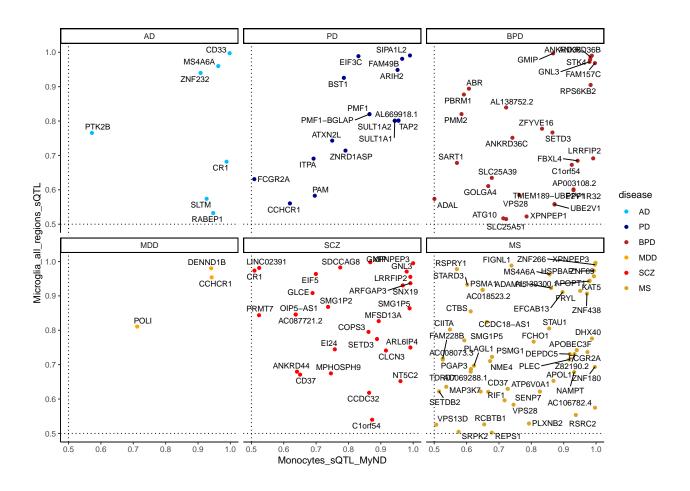
disease	QTL	n_loci	h4_0.5	h4_0.8	h4_0.9
$\overline{\mathrm{AD}}$	Monocytes_sQTL_MyND	41	9	2	7
AD	Monocytes_MyND	41	5	3	4
AD	Microglia_Young	41	3	3	3
AD	Microglia_all_regions_sQTL	41	8	3	5
AD	Microglia_all_regions	41	13	1	4
PD	DLPFC_ROSMAP	97	11	5	14
PD	Monocytes_Fairfax	97	11	3	11
PD	$Monocytes_sQTL_MyND$	97	12	2	15
PD	$Monocytes_MyND$	97	9	5	8
PD	Microglia_Young	97	12	2	0
PD	$Microglia_all_regions_sQTL$	97	24	7	8
PD	Microglia_all_regions	97	7	4	4
BPD	$DLPFC_ROSMAP$	31	4	2	5
BPD	Monocytes_Fairfax	31	6	1	2
BPD	$Monocytes_sQTL_MyND$	31	4	6	11
BPD	$Monocytes_MyND$	31	3	0	3
BPD	Microglia_Young	31	7	1	0
BPD	$Microglia_all_regions_sQTL$	31	9	2	10
BPD	Microglia_all_regions	31	3	2	0
MDD	DLPFC_ROSMAP	37	6	0	3
MDD	Monocytes_Fairfax	37	0	0	2
MDD	$Monocytes_sQTL_MyND$	37	4	2	2
MDD	$Monocytes_MyND$	37	2	1	2
MDD	Microglia_Young	37	0	0	0
MDD	$Microglia_all_regions_sQTL$	37	5	1	2
MDD	Microglia_all_regions	37	3	2	0
SCZ	DLPFC_ROSMAP	125	19	4	14
SCZ	Monocytes_Fairfax	125	16	5	10
SCZ	$Monocytes_sQTL_MyND$	125	30	11	22
SCZ	$Monocytes_MyND$	125	10	5	6
SCZ	Microglia_Young	125	17	3	1
SCZ	$Microglia_all_regions_sQTL$	125	34	13	32
SCZ	Microglia_all_regions	125	12	3	5
MS	DLPFC_ROSMAP	157	20	8	12
MS	Monocytes_Fairfax	157	38	5	10
MS	$Monocytes_sQTL_MyND$	157	56	16	41
MS	$Monocytes_MyND$	157	23	4	4
MS	Microglia_Young	157	15	6	5
MS	${\bf Microglia_all_regions_sQTL}$	157	54	25	40
MS	Microglia_all_regions	157	26	7	4

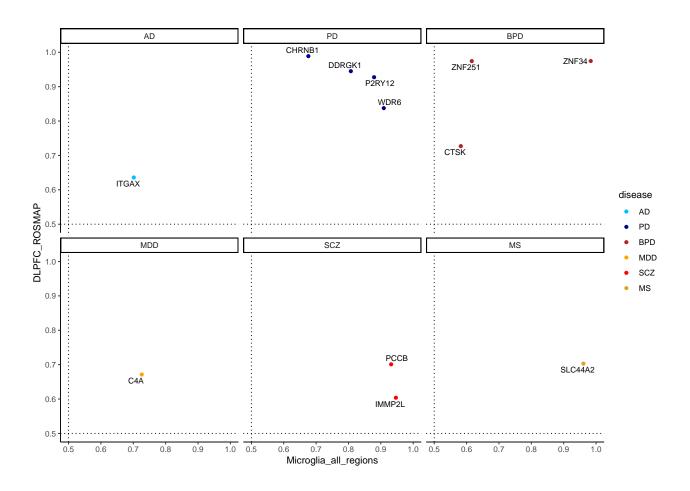
Sharing of colocalised genes

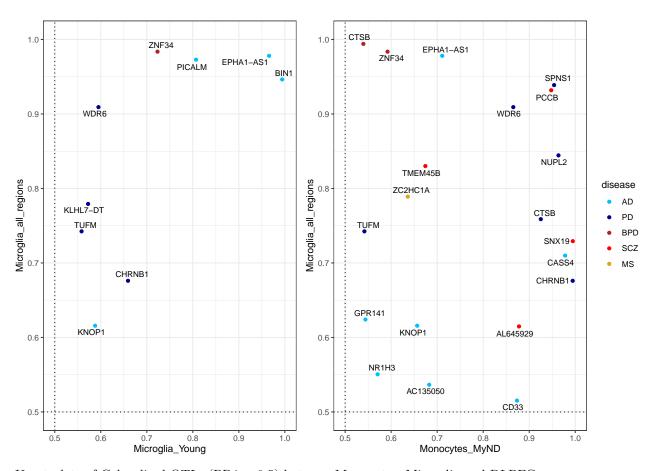




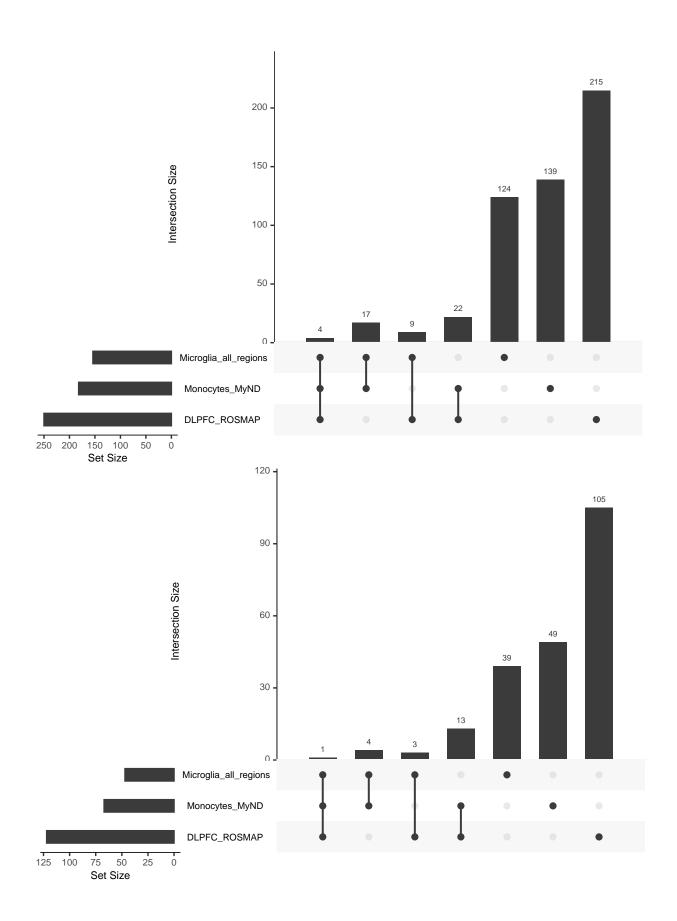


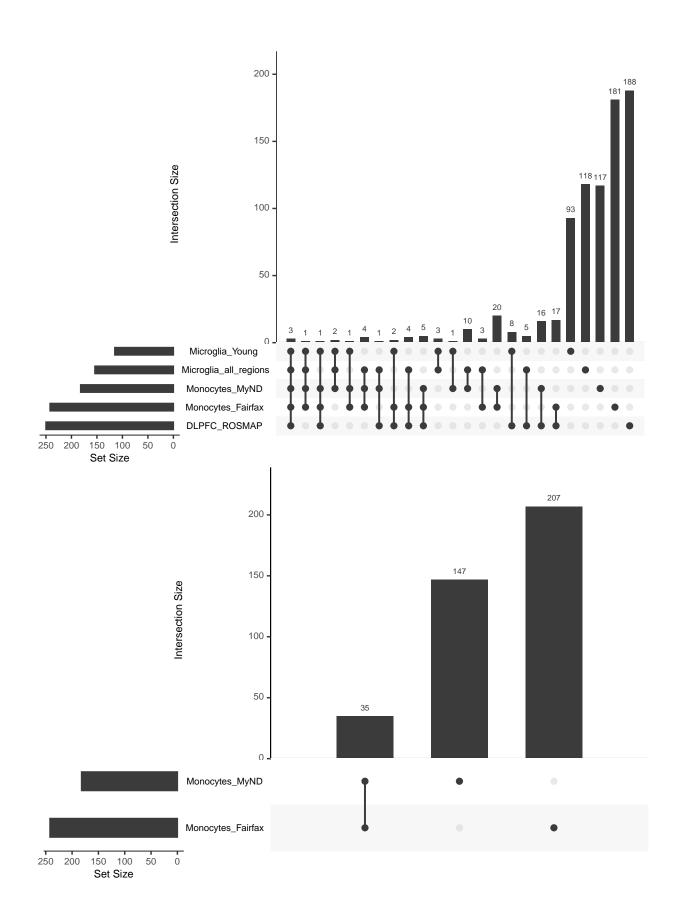


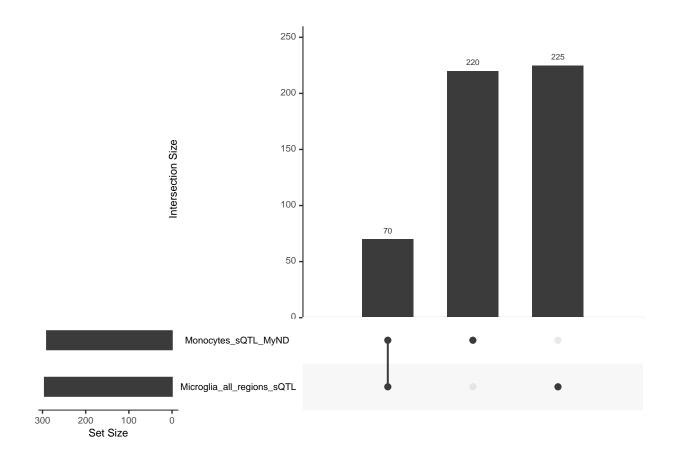




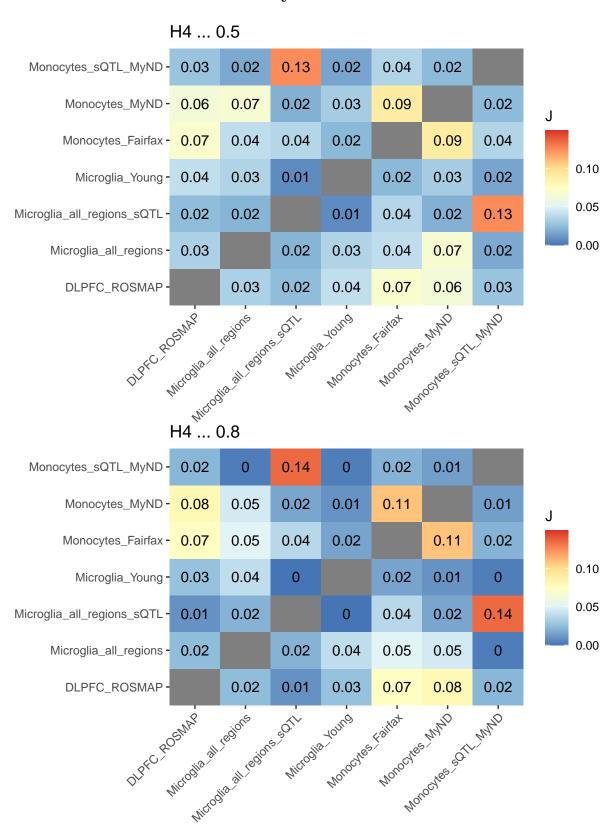
Upset plots of Colocalised QTLs (PP4 > 0.5) between Monocytes, Microglia and DLPFC



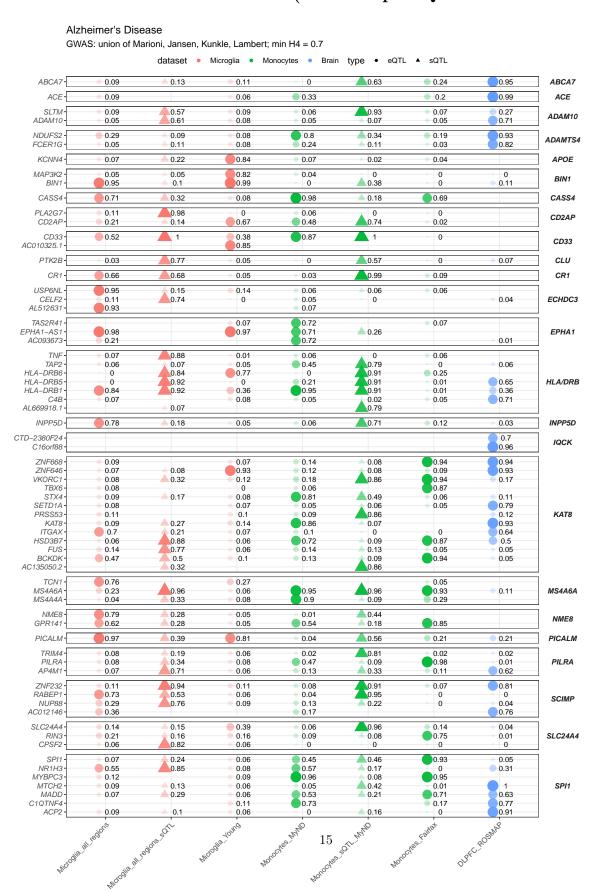




Jaccard distances between each QTL set - take the intersection of loci at a threshold divided by the union.



Compare eQTL effect sizes between Young and our Microglia Alzheimer's Disease - all loci (max H4 per QTL across 4 GWAS)

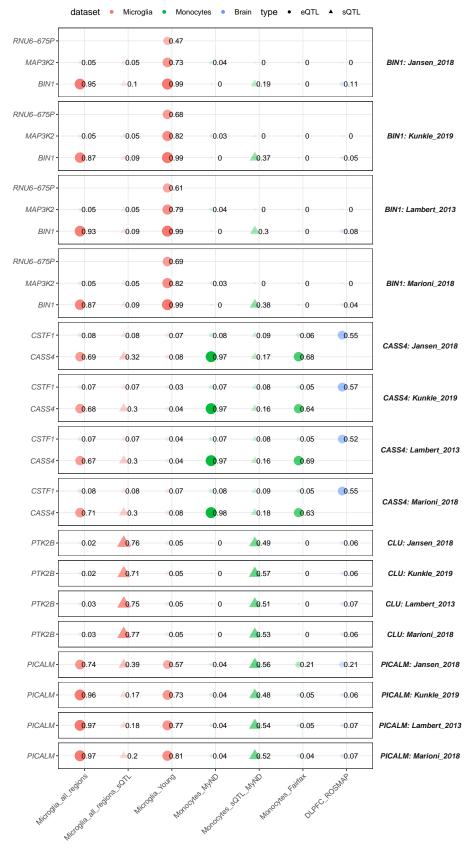


${\bf AD}$ - Compare loci between the 4 GWAS

Plot some well known AD loci shared between GWAS - do the same Colocalisations occur?

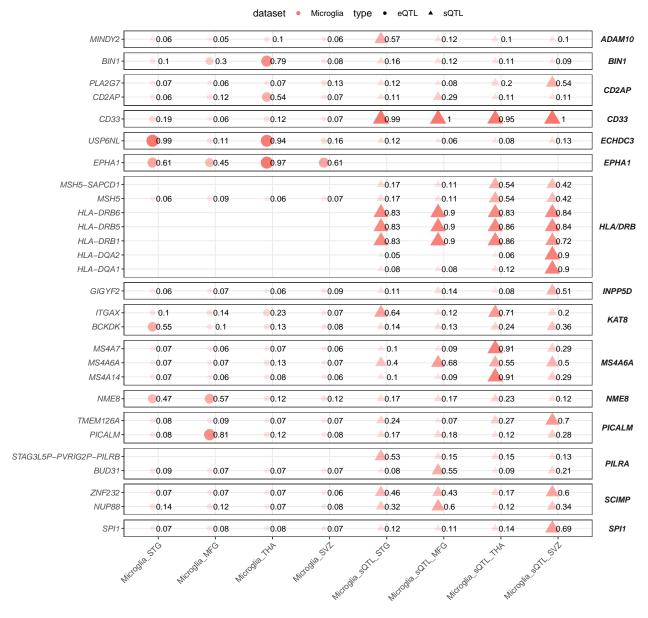
Alzheimer's Disease

GWAS: union of Marioni, Jansen, Kunkle, Lambert; min H4 = 0.5



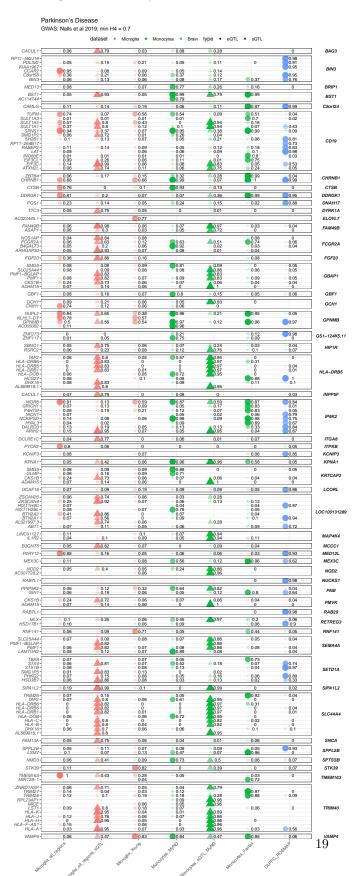
Alzheimer's Disease

GWAS: union of Marioni, Jansen, Kunkle, Lambert; min H4 = 0.5

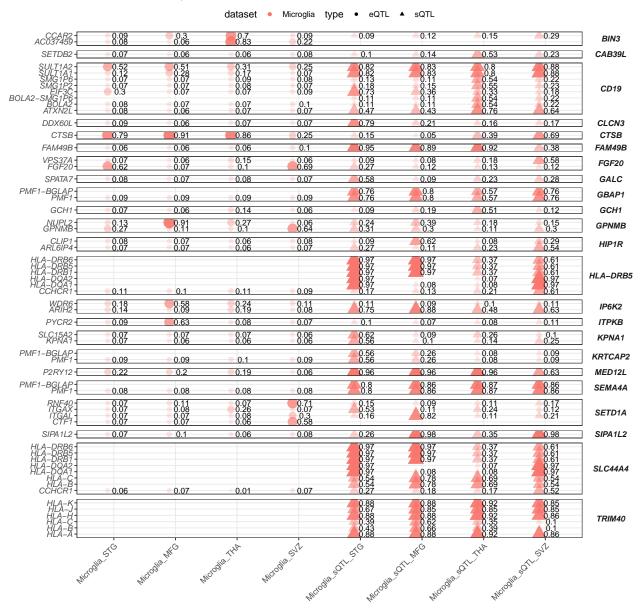


Parkinson's

Microglia, Monocytes and DLPFC



Parkinson's Disease GWAS: Nalls et al 2019; min H4 = 0.5



Scizophrenia

${\bf Microglia,\,Monocytes\,\,and\,\,DLPFC}$

ZNF323 TRM26 PPPPR10 HLA-J HLA-J HLA-G HLA-G HLA-G HLA-G HLA-G HLA-G S71277.2 LL645929 LL022393 CFLAR ZNF395 FBX016 STAT6 NAB2- BAZZA	0.08 0.91 0.12 0.99 0.27 0.11	0.13 0.98 0.99 0.99 0.99	0.07			0.99	0.97 0.06 0.05
ZNF395- FBXO16-	0.27		0.07 0.23 0.06	0.06 0.06 0.49 0.05 0.37		0.99 0.99 0.99 0	
ZNF395- FBXO16-		0.99	0.07 0.42 0.83	0.99 0.72 0.88	△ 0.17	0.99	0.34
ZNF395- FBX016-	0.61	A 0.15	0.84	0.88		0	0.97
STAT6	0.22	0.98	0.68	0.04	0.77	0	0.67
NAB2 • BAZ24 •	0.1	≥ 0.12	0.1 0.05 0.12	0.06	0.94 0.94 0.86	0.09 0.04	0.04 0.1 0.01
NTSC2	0.12 0.08	0.87	0.06	0.06 0.06	0.08 0.29	0.04 0.04	0.08 0.04
NT5C2 MFSD13A S7-ASMT BORCS7 ACTR1A	0.07	0.65 0.83 0.06 0.06 0.12	0.23 0.05	0.04 0.03	0.96 0.89 0.94 0.94 0.86		
FURIN- FES	0.05 0.06 0.06 0.03	0.12 0.16 0.81	0.11 0.05 0.07 0.16	0 0 0.41 0.59	0.86 0.25 0.35	0 0.61 0.99	0.04 0.98 0.14
FER-	0.06	<u>0.45</u>	0.06	0.04	0.8	0.04	0.37
CYP2D7* CYP2D6- CYP2D6- RFGAP3	0.08	0.96	0.11 0.06 0.08 0.16	0.06 0.38 0.38 0.01	0.92 0.92 0.92 0.99	0.05 0.01	1 0
IMMP2L	0.07	0.94	0.13	0.44		0.01	0 0.6
KLN1-AS -	0.06 0.22	0.95	0.05	0.19	0.06	0	0.67
TRANK1*	0.08 0.18	0.09	0.06 0.07	0.59 0	0.26	0	0.97 0
SRGAP2 CR1	0.06 0.06	0.82	0.14	0.06 0.01	0.51	0.08 0.07	0.04
STAU1- CSE1L- NC02391-	0.05 0.06	0.42 0.1	0.05 0.06	0.09 0.65 0.04	0.97 0.22 0.52	0.05	0.54
KLK3- FUZ- CARDB- ASPDH-	0.05	0.87			△ 0.1	0.86 0.16 0.04	0.03 0.09 1
ASPDH-	0.1	0.1	0.05 0.15 0.06	0.04 0.07 0.05	0.95		
CYSTM1	0.07	A 0.9	0.08	0.04	△ 0.12	0.04 0.04	0.04 0.88 0
NT5C2 MFSD13A GSTO1 S7-ASMT	0.07 0 0.06	0.65 0.83 0.89 0.07 0.07 0.12	0.23 0.05 0.06	0.04 0.03 0.06	0.96 0.89 0.08 0.94 0.94 0.86	0.76	0.01
ACTR1A	0.05 0.07	0.07 0.12	0.11 0.06	0		0	0.04
SMIM30	0.05	0.96 0.97 0.97	0.05	0.03	0.7	0.97	0.04
IMMP2L IFRD1	0.82	0.43	0.12 0.06 0.19	0.4 0.11		0.08	0.57 0.06
MEM45B SNX19 ZNF804A	0.83 0.73 0.05	0.93	0.19 0.02 0.05	0.99	0.06 0.97 0.05	0.05	0.44
NAB2 BAZZA	0.1 0.12 0.08	0.12 0.87 0.94	0.12 0.06 0.07	0.05 0.06 0.06	0.86 0.08 0.29	0 0.04 0.04	0.01 0.08 0.04
VWA5A CCDC15	0.04 0.05	A 0.1	0.05 0.14	0.82	0.11	0.06	0.01
NR1H3+	0.07	△ 0.12	0.06	0.9	0.13	0 0.25	0.01
POLL NT5C2 MFSD13A S7-ASMT	0.16 0.07 0	0.13 0.65 0.83 0.07	0.06 0.23 0.05	0.06 0.05 0.03	0.96 0.89 0.94 0.94	0.25 0.76	0.01
BORCS7- ACTR1A	0.05 0.06	0.07	0.11 0.05	0 0	0.86	0	0.04
NT5C2 MFSD13A S7-ASMT BORCS7	0.07	0.65 0.83 0.06	0.23 0.05	0.05 0.03	0.96 0.89 0.94 0.94 0.86	0.70	
BORCS7- ACTR1A- WDR73- SEC11A	0.05 0.06 0.06 0.06	0.06 0.11 0.52 0.71	0.11 0.05 0.05 0.05	0 0 0.08 0.29	0.86 0.07 0.17	0.9	0.04 0 0.09
CPNPEP3	0.06	0.71	0.1	0.29 0.04 0.06	0.98	0.16	0.09
PNPEP3 RPL3 NDUFA6 NAGA CYP2D7 CYP2D6	0.07 0.84 0.05 0.06 0.06	0.99 0.09 0.09 0.36 0.06	0.06 0.05 0.07 0.06	0.04 0.06 0.01 0.09 0.25 0.26	0.07 0.12 0.97 0.97	0.94	0 0.27 0 0.99
TRNT1	0.05	0.82	0.07	0.06	△ 0.12	0.06	0.04
NCAPD3 ACADB	0.05 0.05 0.04	0.88 0.98 0.17	0.05 0.07	0.05 0.04 0.08	0.11 0.09 0.81	0.05 0 0	0.03 0.04 0.05
PBRM1 MUSTN1 GNL3*	0.06	0.94	0.06	0.04	0.4	0.18	0.05 0.07 0.15
GNL3* TAOK2*	90.08	0.97	0.07	0.12	0.98	0.87	0
TAOK2 SMG1P5- SMG1P2- MAPK3-	0.07 0 0 0.07	0.07 0.86 0.87 0.08	0.06 0.06 0.05 0.06	0.05 0 0.05 0.65	0.27 0.99 0.74 0.11	0	0.94
ITGAL EIF3C ATXNZL ASPHD1	0.28 0.64 0.14	0.97 0.86 0.95	0.11 0.1 0.06 0.35	0.06 0.05 0.05	0.09	0.05 0.05 0.05 0.07	0 0.08 0.92
012645.3*	0.93	0.94	0.07	0.95	0.07 0.08		0.7
YWHAE SGSM2	0.93 0.85 0.05	0.08	0.07 0.1 0.05	0.95 0.05 0.09	0.17 0.07 0.93	0.23 0.16 0.03	0.7
TOP1MT - MROH1 -	0.06 0.08	0.93	0.07	0.06	0.92	0.1	0
REX1BD LPAR2 GMIP	0.02 0.93 0.09	0.95 0.07 1	0.06 0.06 0.05	0 0 0.05	0.12 0.11 0.87	0 0	0.07 0.04
NBPF19- CTSK- C1orl54-	0.07 0.24 0.08	0.86	0.17 0.09 0.04	0.13 0.05 0.05	0.87	0.97	0.4
242843.1		0.54 0.86 0.86					0.09
NFRSF14- LC35E2B - LC35E2A - CDK11A - 669831.3 -	0.07 0.17 0.06 0.07	0.1 0.97 0.97 0.38 0.94	0.05 0.11 0.07 0.1	0.07 0.09 0	0.95	0.01	0.06
669831.1	0.07	0.38 0.94 0.95	0.1	0.09	▲ 0.19		0.85
CLCN3- CBR4-	0.25 0.05 0.05	0.85 0.74 0.22	0.11 0.05 0.05	0.07 0.32 0.06	0.3 0.92 0.82	0.05 0.1 0	0.07 0.31 0
UBE2D3	0.05	0.11	0.06	0.06 0.08	0.82	0.05	0.89
MANBA - CISD2 -	0.06 0.08 0.07 0.11	0.06	0.06	0.01 0.57	0.85 0.15 0.83 0.08	0 0.88	0.34
CYP2D7 CYP2D6 RFGAP3	0.05	0.05	0.06 0.08 0.12	0.38 0.38 0	0.92 0.92 0.99	0.04 0.01	1 0
RAB42 • EPB41 •	0.07 0.07	0.65	0.06	0.08 0.05	0.09	0.84 0.08	0.04
CREB3L2 -	0.01	0.85	0.1	0.02	0.17	0.04	0.67
THBS1 DIP5-AS1 IVD CCDC32	0.21	0.08	0.06 0.06	0.81 0.01 0.01 0	0.23	0	0.02
C037198-	0.04	0.96 0.62 0.85	0.05	0.81	0.12 0.86 0.64		
C7orf50	0.06	△ 0.27	0.05	0.09	0.96	0.05	0 0.29
TBC1D5+ PLCL2+ KDM3B+ FAM53C-	0.06 0.06 0.06 0.27	0.32 0.08 0.13 0.09	0.05 0.08 0.06 0.05	0.05 0.36 0.09 0.85	0.94 0.86 0.39 0.17	0.84 0.04	0.04 0.04
SETD3	0.06	0.09	0.05	0.14	0.89	0	0.02
RGS6- DCCAG8-	0.05	0.98	0.06	0.09	0.32	0.05	0.91
SAP30L ZNF638	0.08	0.96	0.17	0.06	0.97	0.04	0.05
ZNF638* PRADC1* VWA5A JHY	0.17 0.24 0.04 0.24	0.29 0.09	0.17 0.12 0.05 0.05	0.05 0.98 0.82 0.97	0.06 0.11 0.07	0.06	0.01
KDM3B FAM53C	0.24 0.06 0.26	0.13	0.05 0.06 0.05	0.97	0.07	0.84 0.04	0.04
CUL3*	0.26	0.08	0.05	0.38	0.17	0.05	0.89
RSRC2 FAM101A ARL6IP4	0.04	0.75	0.06	0.05	0.99	0.07 0.05 0.01	0.05 0.9 0.04
CIITA -	0.13	0.94	0.06	0.04	△ 0.21 △ 0.52	0.05	0.02
SHMT1 PRPSAP2 FLCN- COPS3	0.65 0.06 0.08 0	0.89 0.7 0.89 0.8	0.05 0.05 0.05 0.8	0 0.87 0.05 0	0.43 0.37 0.42 0.86	0 0.97 0.06 0	0 0.95 0 0.06
055811.2		0.89	0.05		A 0.28		
GLCE- CNOT1-	0.08 0.09	0.91 0.97 0.97	0.07 0.1	0.42 0.05	0.69 0.15	0.02	0.04 0

Scizophrenia GWAS: Ripke et al, 2014; min H4 = 0.5

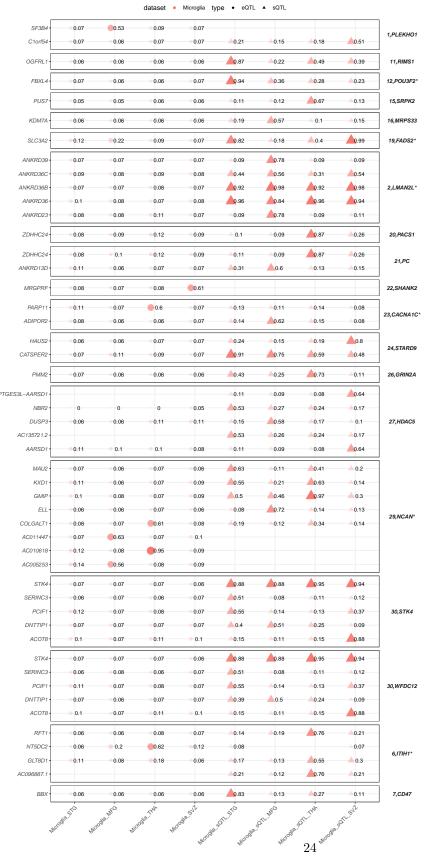
GAN26 HEA-G	0.08	0.08	0.07	0.07	8:54 8:596 9:596 0:56	0.398 0.398 0.0004 0.0004 0.0004 0.0004 0.0004	8.57 8.97 8.97 8.97	0.76 0.91 8:89
21997.3	0.07	0.07	0.08	0.61	0.96 0.54	8:94 0.39	8:9 4 0.27	8:99
CLK1- CCAG8-	0.07	0.06	0.07	0.08	0.08	0.65	0.41	0.48
INTS9	0.05	0.06	0.07	0.08	A 0.11	0.71	<u>0.11</u>	<u>0.09</u>
SARNP PMPV2 A8564	0.07 8.87 8.86 0.12	8:88 8:33	8:88 8:87 8:87	8.88 8.86 8.16	8.58 8.58 8.28 8.38	0.66 0.77 0.08 0.29 0.66	8.14 8.09 8.51 8.71	8:17 8:61 8:61
BAZ2A 23055.1			0.07		8.38 8.18	8.29 8.66	8:51 8:14	8:25 8:17
SD13A	8:87	0.06	0.06	8:87	0.56 0.59	▲ 0.12 0.38	0.26 0.35	0.12 0.5
MPP6 1M221A	0.05 0.06	8.86	8.72	8.85	0.82	0.12	0.87	0.5
NG45A 81187.2	8:8 5	8:85 8:85	8:86 8:86	8:86 8:86	0.19 0.86 0.85	0.68 0.95 0.14	8.09 8.09 8.09	0.12 0.52 0.52 0.52
PNPEP3	0.07 0.06	0.08 8:88	0.07 8:89	8:88	8:94	0.85 8.31	0.09 0.73 8.53	0.97 8.52
ACAT1	0.07	0.06	0.09	0.08	0.97	A 0.11	<u>0.13</u>	0.16
MMP2L -	0.17	0.11	0.38	0.42	0.92	0.89	0.9	0.43 0.11
NATAS :	0.05	0.05	0.05	0.07	<u> </u>	₹ 0.31	<u>₹8:46</u>	▲8: 2 3
CCAG8- MYD88- OLGA4-	0.14 0.07 0.05 0.06	0.46 0.08 8.89	0.09 0.07 8.05 8.08	0.1 0.08 8:89	0.92 0.11 8.51 8.23	0.71 0.63 8:13	0.46 0.12 0.66	0.55 0.09 8:16
:0Ľ6A4-L PFKER3:	8:88	8:87	8:88	8:89	8:23	28:18 28:3 2 28:3 2 28:31	8:18	8:1€ 8:6₹
C02391	0.06	0.07	0.07	0.06	0.98	△ 0.13	0.38	0.98
IGLECZ CD37	0.07 8:89	0.07 8:08	0.08 8.27 8.24	0.12 8:87	▲0.23 8.89	8.3 8.3	0.71 0.35	0.5 0.13
CAPER -	0.09	0.07	0.07	0.08	0.61	△ 0.12 △ 0.12	0.13	0.18 0.12 0.5
EIF5	0.06 0.07 0.06	0.06	0.06 0.11	8:87 0.08	0.56 0.17	0.12 0.47	0.2 0.2	0.53
CAPER+	0.09	8:97	0.07 8:37	0.08	0.61	0.12 8:14	0.13	0.18
SNX19	0.09	0.16	0.26	0.06	0.54	0.34	0.55	0.37
NUP35-	0.07 8.87	9.07	0.07 9.98	0.12	▲ 0.2 ▲ 0.18	0.08 	0.77 8.14	△ 0.1
SARNE PMBU2 73838.1	8:87 8:82 8:12	8:89 6:11 8:39	8:88 8:87	8:89 8:98	8:18 9:58 0:28 8:18	8.66 0.7 0.28 0.66	8:14 8:25 8:14	8:17 8:61 8:61 8:67
FERRET	8:58 8:69	8:87	8.86	8:87	8.29	8.26	8:13	8.57
=s8734 = =s8734 =	8:87	0.06	8.97 8.97	8:8 7	8:58 8:58	8:18 8:18	8:35 8:35	0.13 0.5 0.13 0.5
NARS -	0.07	0.16	0.11	0.07	0.59	0.38	0.35	0.5
PNREB3:	8:86	8:88	8:88	8:88	8.99	- 8:38	8:39	8:99
IT5DC2 -	0.06 0.11 0.06	0.14 0.07 0.06	0.6 0.06 0.06	0.11 8.87	0.08 8:13	8.78	2 8:15	0.07 0.08
MG1P5 51614 31682 316862			8.88	8:87	A0.36			
TIGAL ALXIVEL	8:85 8:85 6:1	8: 07 8: 07 8:07	0.08 8.08	8.18	0.36 0.14 0.146 0.143 0.13	0.65 0.77 0.56 0.18	0.32 0.71 0.71 0.09 0.88	0.18 8.37 8.55 8.55 8.27
FAM83F	0.07	0.07	0.1	0.58			0.38	0.21
SMXP4	0.08	0.07 8:89	0.07 8:89	8:89	<u>₹8:34</u>	8:25	28:34	0.24
003991-	0.07	0.07	0.07	0.51				
MUTYH ERMEN	8.88 8.88	8.86 8.86	0.08 8.87	8:88 8:88	0.08 0.11	8.57 8.51	▲8.13 8.69	0.12 0.2
MAU2:	8:86 8:08	8:87 8:41	8:97 8:08	8:86 8:13	8:56 8:14	8:13 8:72	▲8:12 8:11	8:46
MINDY1 C1orf54	8.87	0.07 0.06	8.87	8.97	0.54	8.11 8.64	8.45	0.18 0.81
Z3-AS1 C35E2A	0.06	8:87	8:89	8:87	▲ 0.23 8.82	8:96 8:96	8.89	8:44 8:44
PUS7-	0.06 0.1 8:88	0.09 0.18 8.89	0.06 0.1 0.07	0.09 8.87	0.11 0.56 8.53	0.15 0.08 0.11	0.67 0.28 0.35	0.13 0.28 0.12
SART3-L SLGSB2:	8:88	8:87	8:87	8:88	8:55	8:88	8:35 -8:63	8:12
RFRAB3:	0.09	8:88	8:88	8:89		8:31	8:53	8:57
SRSF4+ CCAG8+	0.2	0.06	0.07	0.07	0.17	0.08	0.5	0.44
RMDN3	0.07	0.1	0.07	0.08	0.08	0.55	A 0.09	A 0.08
MRM2 - 69288.7 -	8.06	8:08	0.06	8.86	8.32	▲ 0.28 8.28	0.78 8:78	8.4
CDC23	0.07	0.07	0.06	0.06	0.22	0.22	0.18 0.1	0.57
PSEN1 -	0.07	0.07	0.63	0.07	0.11	0.11	0.1	0.08
PDE4D -	0.07	0.07	0.07	0.14	0.11	0.52	A 0.1	0.21
CDC23-	0.09	0.07	0.55	0.07	0.1	0.19	A 0.1	A 0.1
NYAP2 - POLI-	0.14	0.09	0.07	0.69	0.36	_ 0.1	0.14	0.64
OSPH9 : AMKK2 RL6P4 :	0.06 8.89	0.06 8.86	0.09 8.86 8.86	8.8 6	8:74 8:54	0.9 0.45 0.43	0.23 8:11 8:25	0.28 8.54 8.72
NUBP1	0.07	0.06	0.12	0.07	0.14	<u>0.17</u>	<u> </u>	0.52
G2E3-	0.06	0.06	0.06	0.07	0.18	0.09	0.57	0.19
SLC9A5	8.11 8.86	9.61 8.87 8.89	0,07 6,07 8,89	9,07 8:87	9:12 8:19 8:09	0.97 8.58	8.35	8:65 8:69
SHMFF	8: <u>2</u> 7 8:38	8:9 <u>9</u> 8:88	8:8§ 8:53	9,08 8:83	<u>♣</u> 8:31	<u>↑8.97</u> 8.23	8:31 8:39	▲8:13 8:58
GLCE-	0.07	0.07	0.19	0.07	0.28	0.24	0.5	0.66
CNOT1-	8:07 8:07	8:88	0.07 8:58	8:87	8:17	0.42	0.16 8:14	▲ 0.22 ▲ 8:88
	0.07	Codic MFC	0.06	6.07	8:17	A SCIL MEC MECON	e striction of the stri	9.08 8.301.341
	dia	dia	-dia	adila	atv	al.	att	atv

Bipolar Disorder 1 - Stahl 2019

${\bf Microglia,\,Monocytes\,\,and\,\,DLPFC}$

UD47-	0.06 0.14				p.99		0.36 0.08	9,ADC)
GNL3 IC096887.1 CD47-	0.1	0.97 0.13	0.06 0.06 0.12	0.18	0.9	0.64	0.01	7,004
MEK4- MUSTN1- MIR135A1- GNL3-	0.07	0.13	0.05 0.06 0.54	0.09	0.52	0.04	0.89	S,man
PPM1M* PBRM1 PARP3*	0.43 0.05 0.1	0.1 0.88 0.7	0.06 0.05 0.09	0.05 0.04 0.08	0.61 0.4 0.23	0.06 0.24 0.07	0 0.09 0.05	6.ITIH:
TKT- RFT1	0.07	0.16 0.26	0.06 0.07 0.06	0.05 0.04 0.06	0.67 0.06 0.9	0.03 0 0.04	0 0.58 0.04	i
SCN5A LRRFIP2 GOLGA4	0.1	≜ 0.55	0.11	0	0.99	0.73 0	0	5,TRAN
PCIF1 L3MBTL1 DNTTIP1 DBNDD2 ADA	0.07 0.11 0.1 0.08 0.05	0.84 0.09 0.64	0.02 0.61 0.05	0 0.1 0.04	0.2 0.06 0.07	0 0.05 0.04	0.03 0.07 0	
SLC35C2 PKIG PCIF1 L3MBTL1	0.06	0.23	0.05	0.04	0.53	0.06	0.03 0.07 0.06	30,WFD
STK4	0.1	0.64 0.98 0.57	0.05 0.05 0.06	0.04 0.06 0.06	0.07	0.04	0 0.13	i
DNTTIP1 DBNDD2 ADA	0.07 0.1 0.08 0.05	0.84	0.02	0 0.11	0.2	0.11 0 0.05	0.03	30,STF
STK4- PKIG- PCIF1-	0.1 0.06 0.07	0.98 0.23 0.69	0.05 0.05 0.07	0.06 0.04 0.05	0.97 0.53 0.37	0 0.06 0.05	0 0.03 0.07	
DDX49- DDA1- C011477.4-	0.12			0.1	0.85	0.05	0.05	4
GMIP-	0.22 0.05 0.14	1 0.31 0.18 0.54 0.26	0.06 0.08 0.06	0.06 0.17 0.08	0.87 0.73 0.83	0 0 0.04	0.04 0 0.04	29,NCA
KXD1	0.06	0.29	0.06	0.05	0.56	0.61	0.04	29.NGA
ZNF506 SSBP4 RAB3A	0 0.07 0.06	0.26	0.06 0.06 0.06	0.02 0.05 0.05	0.85 0.13 0.1	0.04	0 0.04 0.06	Ī
ZCCHC2 RELCH	0.05	0.07	0.06 0.06 0.05	0 0.05	0.13	0.04	0.98	28,ZCCF
AC126544 C091132.4 AC091132 C060780.1	0.12	0.06	0.56	0.06			0.6	
AOC2 C135721.2 C126544.1 AC126544 C091132.4	0.08	0.91	0.14	0.05		0.53	0.6	
RHGAP27	0.62 0.06 0.06 0.08	0.11	0.07 0.06 0.12 0.14	0.08 0.04 0.1 0.05	0.78	0.03 0.04 0.53	0.08	27,HDA
HEXIM2 EZH1 DND1P1	0.08 0.09 0.06 0.62	0.7 0.6 0.6	0.06 0.05 0.06 0.07	0.05 0.05 0.06 0.08	0.16	0.04	0.05 0.05	27.00
PSMC3IP NBR2 NBR1 INC00910	0.88	0.91 0.49 0.7	0.02 0.14 0.06	0.05 0 0.1	0.05 0.92 0.16	0.07 0.04 0.06	0.04 0 0	
STATSA SLC25A39	0.09 0.15 0.07	0.91 0.54 0.63	0.12 0.17	0.05 0.1 0.02	0.68	0.12 0.09 0	0.05 0.07 0	
PMM2 METTL22 CIITA ABAT	0.05 0.06 0.07 0.06	0.82 0.82 0.55 0.07	0.1 0.06 0.06 0.09	0.01 0.06 0.04 0.06	0.22 0.61	0.04 0.06	0.03	
TVP23A - 11-297M9 - PMM2 - METTL22 -					▲ 0.22	0	0.59 0 0.05	26, GRIN
AKAP13 AC048382	0.06 0.05	0.84	0.06	0.03	▲0.43	- 0	0	
WDR73 IBE2Q2P1 SLC28A1	0.06	0.16	0.09 0.05 0.06	0.35 0.72	0.14	0.96 0.74 0	0.99	25,ZNF:
0018362.1		0.88 0.9 0.9			△ 0.07			
PLA2G4B ATSPER2 ADAL C087721.2	0.07 0.07	0.81 1 0.27 0.88	0.06 0.09 0.07	0	0.2 0.07 0.5	0.08 0.04	0.01 0.05 0	
OIP5-AS1	0.06	0.88	0.25	0.03 0.12 0.05	0.07	0.04	0.05	24,STAR
UBR1 TUBGCP4- SNAP23- PLA2G4B-	0.06 0.07 0.06 0.07 0.06	0.52 0.81 0.14 0.81	0.18 0.06 0.05 0.1	0.06 0.05 0.04 0.03	0.29 0.07 0.86 0.2	0 0.04 0.08 0 0.04	0.05 0.07 0.02 0.01 0	
ZSCAN29	0.05	0.11	0.05	0.04	0.74	0	0.06	23,CACN.
FGF3 ANAPC15	0.14	▲0.54	0.07	0.12		0.05 0.52	0.12	22,SHAI
AP002748 P001362.2 IGHMBP2	0.1	0.56		0.9		0.05	0.12	_
CFL 1 CCS BANF1	0.07 0.2 0.07 0.1	0.11 0.15 0.63	0.06 0.06 0.16		0.05 0.06 0.06	0.07 0.02 0	0.04 0.96 0.06	
LRFN4-	0.07 0.38 0.05 0.07 0.2	0.09	0.09 0.07 0.06 0.06 0.06	0.05 0.61 0.1 0.04 0.95	0.65 0.07 0.74 0.59 0.06	0.08 0.01 0.05 0.07 0.02	0 0.08 0.17 0.04 0.96	21,P0
RPS6KB2 RCE1 NDUFV1	0.07 0.11	0.66 0.54 0.22	0.7 0.06 0.06 0.09	0.03 0.07 0.05	0.49 0.14 0.65	0.05 0 0.07 0.08	0.05 0 0.08	
TCIRG1 SPTBN2	0.15	0.55	0.08	0.05	<u>0.09</u>	0.1 0.05	0.12 0.05	1
CFL1: CCS: BANF1: AP002748:	0.06 0.2 0.06 0.09	0.08 0.12 0.56	0.06	0.95 0.06 0.89	0.06	0.02	0.03 0.96 0.06	
LRFN4	0.4	A0.04	0.07 0.06 0.06 0.06	0.62 0.1 0 0.95	0.07	0.01	0.08	20,PAC
RCE1	0.06 0.08 0.11	0.54 0.68 0.54	0.7 0.14 0.06 0.06	0.1 0.05 0.07	0.2	0.1 0.05 0.05 0.03 0.07		
TRPT1 TCIRG1 SPTBN2 SCYL1	0.07 0.17	0.51	0.7	0.13 0.05		0.09 0.1 0.05	0.05 0.13 0.04 0.04 0.03	
NKRD36B ANKRD36	0.07 0.02	0.93 0.98	0.14 0.06 0.05	0.08 0.04	0.15 0.71 0.98 0.97	0.08 0.06	0	
CNNM4 ARID5A NKRD36C	0.07 0.06 0.07 0.19	0.81	0.07 0.08 0.06 0.14	0.11 0.07 0.05 0.03	0.08 0.35 0.15 0.71	0.73	0 0.09 0.41 0.02	2,LMAN
LMAN2L FAHD2CP	0.06	0.16	0.05 0.02 0.07	0.1	0.93	0.04	0.97	1
EML3 CYB561A3 B3GAT3 P003108.2	0.05 0.09 0.05			0.04 0.07 0.1	0.97 0.94 0.14 0.93	0.05	0.06	
MTA2 MS4A7 MS4A6E EML3 CYB561A3	0.08	0.74 0.74 0.48 0.13	0.05 0.07 0.07 0.06 0.13	0.05	0.86	0.04 0.05 0.07 0	0.04	
PLA2G16* NXF1	0.81	0.47 0.07 0.39	0.11	0.05	0.93	0.05	0.05	19,FAD
STX5 SLC3A2 RTN3 PPP1R32	0.07 0.06 0.07 0.11 0.1	0.81 0.66 0.97 0.47	0.06	0.04 0.05 0.16 0.08	0.11 0.12	0.05 0.06 0.07	0.04 0.1 0.08 0.03	
MXI1 WDR74 MEM179B	0.12 0.07	0.09 0.63 0.74	0.07 0.1 0.06	0.04 0.05 0.1	0.39	0.01 0.16 0.05	0.03 0.05	1
ARID5B-	0.08	0.58	0.06	0.05	0.57	0.04	0.06	17,ANR
TRBC1 MRP\$33	0.5 0.07	0.08	0.07	0.07	△ 0.18	0	0.02	16,MRP
PIK3CG - ORC5 - ATXN7L1 -	0.06 0.27 0.06	0.56 0.24 0.6	0.06 0.09 0.05	0.06 0.55 0.04	▲0.26	0.04	0.07	15,SRP
MEM106B NDUFA4	0.25 0.06	△ 0.13	0.08 0.07	0.04 0.06	0.88	0.04	0.04 0.04	14,THSI
FBXL4-	0.06	<u>0.68</u>	0.06	0.04	0.94	0.04	0.05	12,POU3
OGFRL1 MTO1 INC00472 KCNQ5 FAM135A	0.8	0.06	0.05 0.05 0.06	0.05		0.11	0.58 0.05	
SMAP1 OGFRL1 MTO1	0.06 0.05 0.07 0.59 0.06	0.77 0.96 0.35	0.07	0.03 0.08 0.53	0.26	0 0 0.07	0.04 0.11 0.04	11,RIM
ATP6AP1L ATG10	0	0.13 0.52	0.03 0.01	0 0	0.56	0	0	10,SSB
ZFYVE16 CMYA5	0.06	0.54	0.1	0.05	 0.83	0.08	0.03	1
C1orl54- ARNT- 2242843.1- 2242842.3-	0.58 0.06 0.07	0.67 0.2 0.54	0.08 0.04 0.07	0.07 0.05 0.25	0.93	0.99	0.73 0.05 0.15	
	0.08	<u>0.57</u>	0.06	0.06 0.07 0.06 0.05	▲0.28	0.96	0.05	1,PLEKH
SETDB1* PIP5K1A NBPF9* FCGR1A	0.06 0.07 0.12 0.08	0.08 0.63 0.67 0.57	0.11 0.09	0.06	0.18 0.21	0.06 0.05	0.56 0.05	-

Bipolar Disorder GWAS: Stahl et al, 2019; min H4 = 0.5



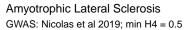
Bipolar 2 - Daner 2020

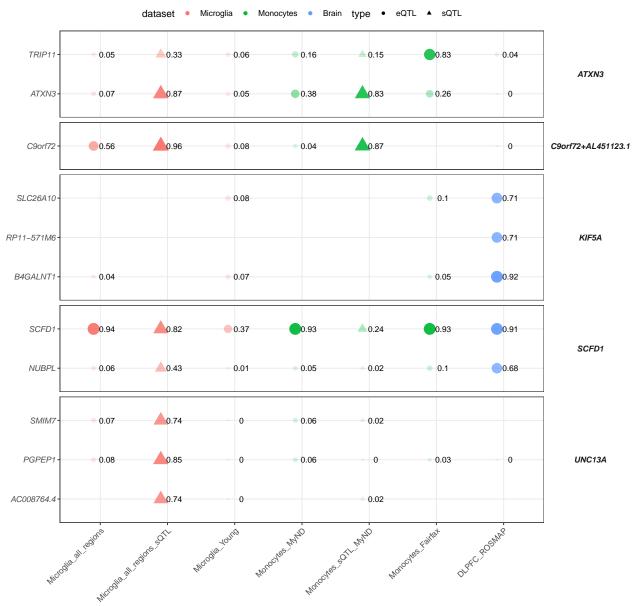
JMJD1C-	0.07	0.23	0.06	0.17	0.9	0.23	0.02	locus_chr10_rs107616
CCDC6-	0.04	A0 52	0.87	0.04	0.07	0 04	0.04	locus_chr10_rs10994
XPNPEP1 MXI1 BBIP1	0.13 0.04 0.08	0.52 0.14 0.79	0.06 0.08 0.06	0.04 0.07 0.08	0.79 0.86 0.09	0.04 0.01	0.06	locus_chr10_rs22737
WDR74- TMEM179B- SLC3A2- RTN3- PPP1R32- PLA2G16- NXF1- MTA2- EML3- CYB561A3- AP003108.2-	0.11	0.81 0.78 0.85 0.98 0.6	0.06 0.09 0.07	0.05	0.25 0.07 0.28	0.08 0.04 0.05 0.16	0.02	
SLC3A2 - RTN3 - PPP1R32 -	0.11 0.06 0.06 0.09 0.06 0.79 0.07 0.08 0.05	0.85 0.98	0.07	0.05 0.06 0.19 0.15 0.04 0.05 0.05 0.05 0.04 0.12	0.28		0.02 0.06 0.1 0.06 0.04 0.05 0.04 0.04 0.06	
PLA2G16- NXF1	0.79	0.07 0.17		0.05		0.05	0.05 0.04	locus_chr11_rs1745
EML3-	0.08 0.05	0.48 0.13 0.6	0.06 0.05 0.06 0.06	0.05 0.04	0.92 0.84 0.98 0.93 0.87	0 0.04 0	0.04	
FKBP2	0.06	0.6	0.11	20.14	0.87	9 0.1	0	
COXBA - BSCL2 -	0.06	0.12	0.06	0.14	0.20	0.94	0.05 0.05	locus_chr11_rs4672
TCIRG1* SPTBN2* SAC3D1* RINASEH2C* GPR137* EHBP1L1* CFL1* CCS* CAPM1*	0.16	0.75	0.72	0.05		0.07	0.12 0.04	
RNASEH2C-	0.17	0.11	0.72 0.05 0.06	0.06	0.12	0.73	0.04	
EHBP1L1 - CFL1 -	0.17 0.06 0.09 0.07 0.06 0.21 0.06	0.26 0.08	0.05	0.07	0.87	0.07 0.05 0.73 0.03 0.12 0.04 0.08	0.04	locus_chr11_rs4758
CCS CAPN1 ARL2	0.07	0.79 0.26 0.08 0.12 0.72 0.46	0.05 0.08 0.06 0.05 0.06	0.05 0.02 0.07 0.07 0 0.93 0.05 0.71 0.9	0.87 0.97 0.06 0.11 0.09	0.01 0.05 0.04	0.12 0.04 0.04 0 0.06 0.04 0.03 0.96 0.05	
ARL2 AP002748 SPTBN2	0.09		0.72	0.9		0.05	0.05	
RPS6KB2 · RNASEH2C ·	0.08 0.06 0.09	0.9	0.06 0.06 0.08	0.03 0.02 0.05 0.07	0.98 0.9 0.85 0.87		0	
NDUFV1 : EHBP1L1 : CORO1B :		0.19 0.26		0.05 0.07	0.85 0.87	0.04 0.05 0.04		locus_chr11_rs6783
CORO1B CFL1 CCS AP002748	0.07 0.06 0.2 0.09	0.1 0.08 0.12	0.06 0.08 0.06	0.1	0.71 0.97 0.06	0.05 0.08 0.01	0.17 0.03 0.96	
CACNA2D4	0.09	△0.16	0.05	0.08	0.8	0		locus_chr12_rs11062
PCID2	0.13	0.14	0.05	0.04	△0.18	0.07	0.02	locus_chr13_rs35306
SETD3- TUBGCP4-					0.07	0.05		locus_chr14_rs26936
TUBGCP4 TTBK2 PLA2G4B OIP5-AS1 7-PLA2G4B CATSPER2 4C087721.2	0.06 0.06 0.06 0.06	0.81 0.19 0.81 0.88 0.81	0.06 0.14 0.1 0.25 0.06 0.08	0.06 0.14 0.04 0.12	0.73	0.04	0.02 0.08 0 0.05 0.01 0.05	locus_chr15_rs44473
CATSPER2	0.11	0.81 1 0.88	0.06 0.08	0	0.2	0.06	0.01 0.05	SCUS CIII IS 1344473
ZNF774*	0.04		0.06	0.05		0.07	0.78	
GDPGP1 - 4C091167.7 -	0.07	0.85 0.85	0.08	0.08	0.06		0.06	locus_chr15_rs4702
UBE2Q2P2 SNHG21 FAM103A1 C15orl40	0.06	0.24	0.88 0.06	0.11	△0.11	0.78		locus_chr15_rs62011
	0.06	▲ 0.2	0.06	0.09	0.9	0.78	0.05	
SLC28A1 FAM103A1 AKAP13	0.08	0.95	0.07	0.03	△ 0.1	0.83 0.8 0	0.07	locus_chr15_rs7484
RNF166 FAM157C	0.11	0.12 0.97	0.11 0.08	0 0	0.79	- 0	0.05	locus_chr16_rs12932
CARHSP1	0.13	0.31	0.34	0	0.93	0	0	locus_chr16_rs284556
CARHSP1 RPL23	0.15		0.37	0.01	0.94	0	0.04	locus_chr16_rs71999
ORMDL3- MIEN1-	0.14	<u>~</u> 0.09	0.06 0.07 0.12	0.06 0.07 0.08	0.23	0.77	0.95	locus_chr17_rs11870
MED1 LASP1 GSDMB	0.07 0.12 0.05	0.09 0.71 0.16	0.12 0.06 0.13 0.18	0.1 0.44 0.04	0.75	0.04 0.05 0.07	0 0.07 0.81 0.97	locus_chr1/_rs118/0
TUBG2 -	0.09	0.92	0.12	0.05	-0.1	0.11		
PLCD3*	0.07	0.91	0.07	0.08	0.21	0.05	0.05 0.04 0.73 0	locus chr17 rs2287
NBR1- DHX8-	0.06	0.49 0.33 0.91	0.14 0.05	0.3	0.91	0.06	0.05	10005_01117_1522874
AC135721.2 AC126544.1			0.8					
DPH1 ABR	0.05 0.04	0.94 0.89	0.06 0.11	0.09	0.35 0.61	0.13 0.09	0.07	locus_chr17_rs47908
RPL23 ORMDL3 MIEN1	0.07 0.14 0.81	△ 0.09	0.06 0.07 0.12	0.06 0.07 0.08	0.23	0.77	0.04 0.95 0	
MED1 -	0.07	0.09	0.06	0.1	0.06 0.75	0.04	0.07	locus_chr17_rs615549
GALNT3	0.05	0.16	0.18	0.04	0.1	0.07	0.97	locus_chr2_rs171838
LMAN2L - KANSL3	0.07	0.17	0.04	0.1	0.29	0.05	0.99	
ANKRD36C* ANKRD36B* ANKRD36	0.49	0.75	0.1	0.04	0.74 0.99 0.98	0.08	0.99 0.71 0.02 0	locus_chr2_rs46196
ZBTB46- UCKL1	0.17	0.99	0.06	0.04	0.98	0.09	0.05	locus_chr20_rs13044
UBE2V1	0.06	0.16	0.07	0.06	0.87	0.07	0.04	
STAU1 SPATA2	0.05	0.56	0.05	0.05 0.14 0.05	0.87 0.87 0.97 0.07	0 0.1 0.06	0.02	locus_chr20_rs2374
RIPOR3	0.06 0.06 0.05	0.78	0.75 0.06	0.05	▲0.22	0	0	
STK4- SRSF6- PLTP- ELMO2- DNTTIP1- DBNDD2-	0.09 0.1 0.05 0.08 0.22	0.97 0.9 0.88 0.87 0.24	0.06	0.02	0.98	0	0 0.39 0.04 0.08 0.71	
PLTP - ELMO2 -	0.05	0.88	0.04 0.2 0.02 0.72	0.02 0.05 0.04 0.08 0	0.08 0.16 0.2	0.03 0.15 0 0.06	0.04	locus_chr20_rs60321
DBNDD2+	0.06	0.08			0.06	0.06	0.03	
STK4* PLTP- JPH2- DNTTIP1 DBNDD2	0.09 0.07 0.09	0.97	0.06 0.05 0.73	0.02	0.98	0.05 0.08	0.08	locus_chr20_rs67712
DBNDD2	0.09 0.07 0.07	0.77	0.73 0.02 0.72	0.06	0.2	0 0.05 0.08 0 0.04	0.04 0.06	
XPNPEP3 FAM109B CENPM	0.27 0.73	0.44	0.05	0.3	0.72	0.05 0.91 0.06	0	locus_chr22_rs57580
RFT1		№ 0.23		0.06	0.9		0.04	
RFT1 PBRM1 NEK4 MUSTN1 GNL3 4C096887.1	0.07 0.05 0.06 0.06 0.14	0.83 0.13	0.06 0.06 0.05 0.06 0.06	0.06 0.04 0.1 0.08 0.17	0.9 0.59 0.42 0.32 0.98 0.9	0.04 0.2 0.04 0.73	0.04 0.09 0.97 0.22 0.97	locus_chr3_rs23361
	0.14	0.96 0.13	0.06 0.06	0.17	0.98	0.73	0.97	
CD47	0.06	<u>_0.39</u>	0.11	0.05	0.85	0.96	0.28	locus_chr3_rs69636
OXSR1+ MYD88+ LRRFIP2+	0.07 0.11 0.06	0.87 0.95 0.69	0.06 0.11 0.06	0.05 0.09 0	0.92	0.04 0.16 0	0.06 0.05 0	locus_chr3_rs98349
KIAA1109	0.07	A 0.11	0.12	0.04	0.96	0.03	0	locus_chr4_rs112481
SPDL1-	0.06	0.72	0.05	0.05	0.09	0	0.02	locus_chr5_rs108666
TBCA-	0.06	0.75		0.05		0.05	0.2	locus_chr5_rs68654
ZFYVE16 ATG10	0.08	0.78 0.29	0.06 0.01	0.05	▲0.71	0.05	0.04	locus_chr5_rs68874
SFT2D1	0.06	0.8	0.08	0.03	0.26	0.04	0.04	locus_chr6_rs104555
HIST1H2AC HFE ABT1	0.07 0.06 0.06	0.82 0.12 0.07	0.14 0.06 0.05	0.05 0.04 0.04	0.1 0.89 0.81	0.04 0.14 0.01	0.04	locus_chr6_rs131954
C003-	0.28	0.9	0.09	0.07		0.06	0.04	locus_chr6_rs14874
MTHFD1L SRPK2	0.09	0.78	0.06	0.06	0.96	0.04	0.05	locus_chr6_rs43319
MAD1L1 INTS1	0.24	0.55	0.06 0.05	0.06	0.22	0.77	0.37	locus_chr7_rs126688
	0.03 0.07 0.04	0.06		0.27		0 0.41		
FAM221A	0.06	0.25 0.71	0.05	0.06 0.13	0.87	0.03	0.06 0.97 0	locus_chr7_rs126720
FAM126A	0.27 0.11	0.09		0.19 0.18		0.07 0.39	0.9	locus_chr7_rs69548
UNC5D+	0.1	0.16	0.13	0.05		0.04	0.78	locus_chr8_rs295393
FDFT1 ERI1	0.07	0.19	0.06 0.06	0.05		0.75	0.05	locus_chr8_rs308810
FDFT1	0.11	0.79 0.49 0.12		0.05		0.08	0.05 0.06 0.05	locus_chr8_rs624894
CLDN23	0.34		0.06	0.05	0.70	0.91		
ZNF7 ZNF317 ZNF34 ZNF251 VPS28 THEM6 RPL8 LYGE	0.25 0.09 0.98 0.62 0.01 0.06 0.24 0.06	0.21 0.1 0.2 0.07 0.58 0.06	0.06 0.08 0.72 0.08 0.01 0.06 0.83 0.11 0.06	0.06 0.05 0.59 0.1 0.09 0.05	0.79 0.1 0.09 0.13 0.76	0.1 0.26 0.65 0.07	0.09 0.85 0.97	
ZNF251 VPS28	0.62	0.07	0.08 0.01	0.1	0.13	0.07	0.97 0.04	locus_chr8_rs69923
RPL8 LYGE	0.06 0.24 0.06	0.08	0.06 0.83 0.11		0.28	0.97	0.85 0.97 0.97 0.04 0.96 0.98 0.77 0.97	
COMMD5 - SLC25A51	0.08	0.19	0.06	0.07	0.06	0.97	. 0	-
SHB • AL 138752.2 •	0.05	0.51	0.1 0.05 0.05	0.86	0.72 0.05 0.72	0.05	0.65	locus_chr9_rs109732
ZMYND19- TMEM141- ZP434A062-	0.06	0.1 0.15	0.06	0.14	0.83	0.24	0.02	locus_chr9_rs625810
ZP434A062	al regard	Berger Str.		School Habito	SCITL MARIO MORE	0.79	E BESHAR	⊒

Bipolar Disorder GWAS: Daner et al, 2020; min H4 = 0.5

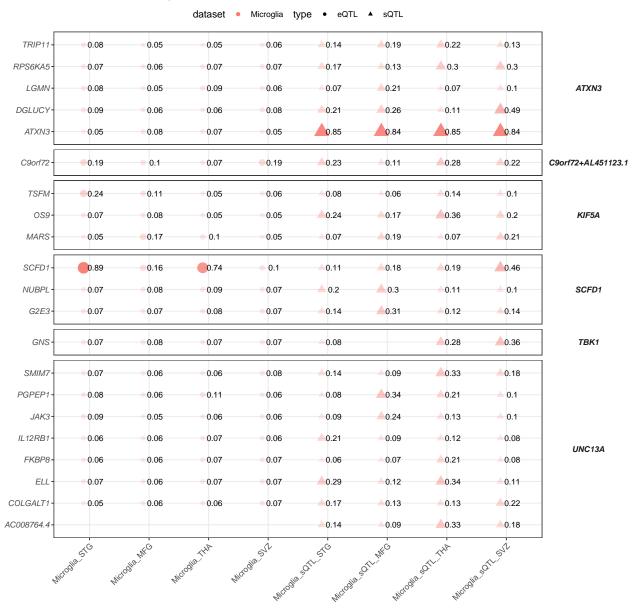
dataset • Microglia type • eQTL • sQTL AL353147.1 0.57 0.06 0.18 0.16 locus_chr10_rs1998820 0.07 0.11 0.07 0.07 0.3 0.1 0.54 0.6 WDR74 SLC3A2 SDHAF2 RTN3 PPP1R32 MS4A4A AP003108.2 0.76 0.14 0.33 0.16 0.52 0.14 0.88 0.75 0.58 0.75 0.12 0.75 0.08 0.06 0.09 0.07 0.07 0.06 0.07 0.1 0.06 0.07 0.06 0.08 0.07 0.06 0.08 0.07 0.09 0.08 0.06 0.11 0.2 0.11 0.11 0.13 0.31 0.11 locus_chr11_rs174592 0.52 locus_chr11_rs4672 ZDHHC24 NUDT8 BRMS1 0.08 0.07 0.07 0.09 0.08 0.07 0.88 0.09 0.7 0.08 0.1 0.09 0.26 locus_chr11_rs475805 0.09 0.12 0.17 0.25 ZDHHC24 0.12 0.07 0.08 0.12 0.07 0.08 0.09 0.09 0.1 0.09 0.26 0.09 0.07 0.07 0.12 0.09 0.08 0.07 0.07 locus_chr11_rs678397 0.17 0.6 UPF3A C13orf46 0.12 0.06 0.09 0.07 0.9 0.11 0.13 0.1 locus_chr13_rs35306827 -0.12 ZSCAN29 HAUS2 0.09 0.06 0.08 0.1 0.07 0.15 0.07 0.41 0.09 0.15 0.62 0.19 0.18 0.8 locus_chr15_rs4447398 CATSPER2 0.08 0.12 0.09 0.08 0.96 0.76 0.62 _0.47 0.12 UNC45A 0.07 0.05 0.05 0.06 0.19 0.68 0.95 0.09 locus_chr15_rs4702 FES 0.06 0.05 0.12 0.08 0.86 0.13 0.3 UBF202P2 0.07 0.07 0.09 0.69 0.09 0.31 0.12 locus_chr15_rs62011709 FAM157C 0.3 0.13 0.21 0.78 locus_chr16_rs28455634 PMM2 -0.07 0.05 0.06 0.66 0.29 0.87 0.06 0.1 PMM2 0.07 0.1 0.09 0.06 0.07 0.67 0.29 0.86 locus_chr16_rs7199910 STARD3 0.1 0.08 0.07 0.06 0.35 0.24 0.7 0.54 PGAP3 EPOP 0.07 0.06 0.27 0.19 0.11 locus_chr17_rs11870683 0.11 0.25 CASC3 0.06 0.06 0.88 0.13 0.09 0.09 0.27 0.12 0.53 0.05 0.53 0.24 0.17 EFTUD2 0.07 0.16 0.07 0.07 locus chr17 rs228768 0.06 0.06 0.15 0.24 0.08 0.17 AC135721.2 0.53 0.26 AC240565.2 0.08 0.51 0.13 0.08 locus_chr17_rs4790841 ABR 0.07 0.07 0.06 0.06 0.07 0.1 0.12 0.07 0.07 0.53 STARD3 0.35 0.24 0.19 0.11 locus chr17 rs61554907 CASC3 0.06 0.06 0.88 0.13 0.09 0.11 0.09 0.25 0.78 0.62 0.99 0.86 0.78 ANKRD39 0.09 0.07 0.07 0.07 0.09 0.09 0.09 0.07 0.11 0.07 ANKRD36B 0.99 locus chr2 rs4619651 0.08 0.09 ANKRD23 0.07 0.16 0.08 0.09 STK4-0.08 0.06 0.07 0.06 0.92 0.92 0.94 0.96 locus_chr20_rs6032110 STK4 0.08 0.06 0.07 0.06 0.92 0.92 0.94 0.96 locus_chr20_rs67712855 0.11 0.06 0.1 0.06 0.08 0.07 0.07 0.07 0.33 0.87 0.64 0.9 0.12 locus_chr22_rs5758064 0.16 0.53 0.54 0.54 0.07 0.07 0.07 0.18 0.09 locus_chr3_rs115694474 EIF4E3 -AC097634.4 -0.18 0.16 0.18 RFT1 NT5DC2 0.06 0.06 0.17 0.09 0.07 0.12 0.14 0.17 0.77 0.21 0.07 0.08 0.37 0.16 0.17 0.37 0.55 0.77 0.25 0.3 0.21 locus_chr3_rs2336147 0.13 0.1 BBX-0.06 0.06 0.06 0.06 0.83 0.1 0.27 0.11 locus chr3 rs696366 MYD88 0.6 0.06 0.06 0.25 0.18 locus_chr3_rs9834970 LRRFIP2 GOLGA4 DOCK2 0.06 0.05 0.06 0.06 0.31 0.64 0.2 0.26 locus_chr5_rs10866641 LHFPL2 0.07 0.24 0.14 0.08 0.59 0.41 0.52 0.59 locus_chr5_rs6865469 ZSCAN26 0.07 0.17 0.69 0.08 0.06 0.09 0.19 0.07 0.15 0.08 0.58 0.08 locus_chr6_rs13195402 △0.19 0.11 0.81 0.15 0.08 0.07 RMND1 0.06 0.1 0.48 0.1 0.51 0.38 cus_chr6_rs4331993 HBP1 0.07 0.08 0.12 0.08 0.21 0.2 0.61 0.17 locus_chr7_rs11764361 0.94 0.17 0.5 MRM2 0.06 0.08 0.07 0.06 0.53 0.43 <u>_0 46</u> 0.43 0.36 0.13 0.43 MAD1L1 BRAT1 0.06 0.12 0.1 0.06 0.37 locus chr7 rs12668848 0.14 AC069288.1 0.53 0.94 0.46 OSBPL3 FAM221A 0.99 0.06 0.05 0.07 0.06 0.07 0.06 0.07 0.17 0.11 0.31 0.59 locus_chr7_rs12672003 0.79 MKLN1 -0.09 0.06 0.06 0.05 0.3 0.11 0.18 0.75 locus_chr7_rs6946056 DNAH11 0.05 0.23 0.71 locus_chr7_rs6954854 0.05 NEIL2 -0.11 0.07 0.54 0.15 locus_chr8_rs62489493 0.12 0.5 0.3 0.35 0.08 0.08 ZNF34 0.15 0.33 0.72 0.18 0.22 0.19 0.11 locus_chr8_rs6992333 RPL8 0.15 0.07 0.56 0.14 0.13 0.09 0.11 0.14 SLC25A51 0.06 0.06 0.06 0.07 0.11 0.52 0.2 0.18 0.08 0.15 0.08 0.11 0.11 0.23 locus_chr9_rs10973201 0.22 AL138752.2 0.13 0.7 0.2 GPSM1 0.08 0.52 0.08 0.08 locus_chr9_rs62581014 26

ALS

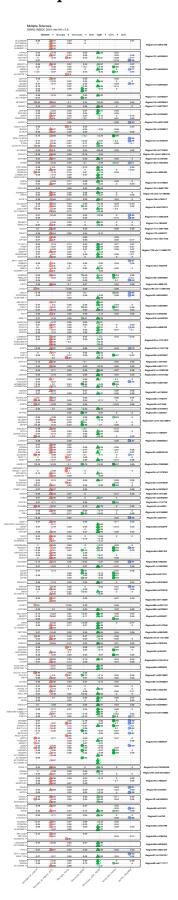




Amyotrophic Lateral Sclerosis GWAS: Nicolas et al 2019; min H4 = 0.2



Multiple Sclerosis



Multiple Sclerosis
GWAS: MSGC 2019; min H4 = 0.7

dataset

Micropla type

oritical of the soft of th **△**0.44 **△**0.44 Region10:rs6670198 Region107:rs8062446 Region11:rs10801908 0.08 0.06 0.11 0.08 0.45 0.14 0.07 0.06 0.06 0.11 Region13:rs11809700 SLC38A9 Region130:rs7731626 PSMC6 Region133:rs11852059 0.07 0.93 0.1 0.12 0.09 0.99 Region136:rs13428812 0.16 0.16 0.99 0.19 0.19 **0**,95 Region17:rs1800693 Region1736;chr1:154963701 ASAP3 Region175:rs67934705 0.09 0.06 0.07 0.08 0.79 0.07 0.78 0.07 0.3 0.83 0.83 0.9 ____0.6 _____0.6 Region18:rs1026916 0.14 **0**.81 0.69 0.87 0.87 0.87 0.96 Region220:rs17741873 Region226:rs3923387 Region23:rs1077667 Region28:rs1738074 0.48 0.67 Region301:chr4:103128873 CISD2 HSD17B14-____0.79 Region31:rs1465697 **Q**.83 **▲**0.97 **▲**1 ZNF69 Region33:rs28834106 0.46 0.29 CYP24A1 Region38:rs12622670 PPP6R2 Region43:rs140522 PCSK 0.15 0.08 0.08 0.97 0.37 0.08 0.08 Region44:rs12365699 0.88 0.88 0.95 0.84 0.88 0.88 0.12 0.12 0.97 0.14 0.12 0.12 0.19 0.14 0.14 0.97 0.23 0.14 0.25 0.85 Region47:rs7977720 <u>___0.7</u> Region5:rs11256593 0.06 0.07 0.05 0.07 0.07 0.085 0.21 TMEM87B SPHK2 0.06 0.06 0.11 _____0.63 ______0.63 TMEMS Region67:rs35218683 0 0.18 0.06 0.1 0.28 0.1 0.24 0.05 0.07 0.06 0.2 0.06 0.13 0.02 0.07 0.25 0.26 0.9 0.84 0.7 0.71 0.33 ▲0.3 ▲0.3 0.29 Region69:rs7222450 LRRC37A ARL17B ARL17A

Region78:rs405343

Region80:rs531612

Region84:rs12211604

Region87:rs58166386