plink --bfile ukb46852\_2\_bi\_rmd --missing

# Delete SNPs with missingness >0.02.

plink --bfile ukb45229\_1\_t --geno 0.02 --make-bed --out ukb45229\_1\_geno

# Delete individuals with missingness >0.02.

plink --bfile ukb45229\_1\_geno --mind 0.02 --make-bed --out ukb45229\_1\_mind

awk '{ if ($1 >= 1 && $1 <= 22) print $2 }' ukb45229\_1\_mind.bim > snp\_1\_1.txt

plink --bfile ukb45229\_1\_mind --extract snp\_1\_1.txt --make-bed --out ukb45229\_1\_snp

plink2 --threads 12 --bfile ukb45229\_1\_snp --maf 0.001 --make-bed --out ukb45229\_1\_maf

plink --bfile ukb45229\_1\_maf --hwe 1e-6 --make-bed --out ukb45229\_1\_hwe\_step1

plink --bfile ukb45229\_1\_hwe\_step1 --hwe 1e-10 --hwe-all --make-bed --out ukb45229\_1\_hwe

sed 's/"// g' fail-het-qc.txt | awk '{print$1, $2}'> het\_fail\_ind.txt

plink --bfile ukb45229\_1\_hwe --remove het\_fail\_ind.txt --make-bed --out ukb45229\_1\_f

plink2 --bfile ukb45229\_22\_f --pca

plink2 --threads 8 --bfile ukb45229\_22\_f --linear --allow-no-sex --pheno pheno\_w.csv --pheno-name Value --covar PCA.txt --covar-name Age,Sex,PC1,PC2,PC3 --out ukb45229\_22\_w.gwas

grep -E 'BETA|ADD' ukb45229\_merge\_LeftInferiortemporal\_a.gwas.Value.glm.linear > ukb45229\_merge\_LeftInferiortemporal\_a.gwas.Value.glm.linear.final

plink --linear ukb45229\_22\_bf --pheno b --covar se --out ukb45229\_22\_bff --make-bed #将gwas结果转化成二进制文件