heart <- c("TP53", "EGFR", "TNF", "APOE", "VEGFA", "IL6", "MTHFR", "TGFB1", "ERBB2",

"ESR1", "ACE", "IL10", "APP", "HIF1A", "BRCA1", "HLA-DRB1", "MMP9", "ABCB1",

"ADIPOQ", "NFKB1" , "AR", "AKT1", "CRP", "BDNF", "BRAF", "PTGS2", "CDKN2A",

"IL1B", "KRAS", "STAT3", "VDR", "NOS3", "TLR4", "COMT", "CTNNB1", "PTEN",

"PPARG", "CXCL8", "SLC6A4", "HLA-B", "TERT", "SNCA", "IGF1", "GSTM1", "MYC",

"BCL2", "MAPT", "LEP", "MTOR", "IFNG", "CXCR4", "MDM2", "JAK2", "MMP2",

"MAPK1", "SERPINE1", "CCR5", "GSTT1", "CCND1", "PON1", "CCL2", "CDKN1A", "F2",

"BIRC5", "NPPB", "GSTP1", "HLA-A", "F5", "SOD1", "PIK3CA", "TLR2", "CTLA4",

"IL17A", "HLA-DQB1", "HFE", "CXCL12", "DRD2", "ATM", "MET", "XRCC1", "CYP2D6",

"KIT", "NOTCH1", "NFE2L2", "FAS", "ADRB2", "CYP2C19", "NR3C1", "ICAM1", "HMOX1",

"ESR2", "MIR21", "RELA", "IL18", "SPP1", "CD274", "SIRT1", "MAPK14", "RB1",

"IL4")

schizophrenia <- c(

"TP53", "EGFR", "TNF", "APOE", "VEGFA", "IL6", "MTHFR", "TGFB1", "ESR1",

"ACE", "IL10", "HLA-DRB1", "MMP9", "ABCB1", "ADIPOQ", "NFKB1", "AR", "AKT1",

"CRP", "BDNF", "PTGS2", "IL1B", "NOS3", "COMT", "CTNNB1", "PPARG", "CXCL8",

"SLC6A4", "HLA-B", "TERT", "SNCA", "IGF1", "GSTM1", "BCL2", "MAPT", "LEP",

"MTOR", "IFNG", "CXCR4", "MMP2", "SERPINE1", "CCR5", "GSTT1", "PON1", "CCL2",

"GSTP1", "HLA-A", "SOD1", "PIK3CA", "TLR2", "CTLA4" , "IL17A", "HLA-DQB1", "HFE",

"CXCL12", "DRD2", "ATM", "MET", "XRCC1", "CYP2D6", "FAS", "CYP2C19", "NR3C1" ,

"ICAM1", "HMOX1", "ESR2", "RELA", "IL18", "SIRT1", "MAPK14", "IL4", "HLA-G",

"VWF", "APOA1", "LRRK2", "GSK3B", "GHRL", "ITGB3", "AGER", "CASP3", "PRNP",

"SOD2", "MAPK3", "SLC6A3", "JUN", "IL1RN", "SP1", "APC", "KDR", "FTO",

"CYP3A4", "HLA-C", "LGALS3", "UGT1A1", "CD14", "LPL", "IL1A", "DRD4", "EP300",

"HTR2A")

geneDB1 <- data.frame(heart, schizophrenia)

geneDB1

common<- intersect(geneDB1$heart, geneDB1$schizophrenia)

Common

commom\_from\_allDB <- c("TP53" , "EGFR", "TNF", "APOE", "VEGFA", "IL6" , "MTHFR", "TGFB1", "ESR1",

"ACE" , "IL10", "HLA-DRB1", "MMP9", "ABCB1", "ADIPOQ", "NFKB1", "AR" , "AKT1",

"CRP" , "BDNF", "PTGS2", "IL1B", "NOS3", "COMT", "CTNNB1", "PPARG", "CXCL8",

"SLC6A4", "HLA-B", "TERT", "SNCA", "IGF1", "GSTM1", "BCL2", "MAPT", "LEP",

"MTOR" , "IFNG", "CXCR4", "MMP2", "SERPINE1", "CCR5", "GSTT1", "PON1", "CCL2",

"GSTP1", "HLA-A", "SOD1", "PIK3CA", "TLR2" , "CTLA4", "IL17A", "HLA-DQB1", "HFE",

"CXCL12", "DRD2", "ATM", "MET", "XRCC1" , "CYP2D6", "FAS", "CYP2C19", "NR3C1",

"ICAM1", "HMOX1", "ESR2", "RELA", "IL18", "SIRT1", "MAPK14", "IL4")

commom\_from\_100 <- Reduce(intersect, list(geneDB1$heart, geneDB1$schizophrenia))

geneDB2 <- head(geneDB1, 50)

geneDB2

commom\_from\_50 <- Reduce(intersect, list(geneDB2$heart, geneDB2$schizophrenia))

comparison\_DB <- data.frame(commom\_from\_allDB)

comparison\_DB$commom\_from100 <- c(commom\_from\_100, rep("",nrow(comparison\_DB)-length(commom\_from\_100)))

comparison\_DB$commom\_from50 <- c(commom\_from\_50, rep("",nrow(comparison\_DB)-length(commom\_from\_50)))

comparison\_DB