

Supplementary. Table S1

doi: 10.17816/CP15494-145274

Genetic Associations of Anhedonia: Insights into Overlap of Mental and Somatic Disorders

Evgeny Kasyanov, Darya Pinakhina, Aleksandr Rakitko, Ekaterina Vergasova, Danat Yermakovich, Grigoriy Rukavishnikov, Larisa Malyshko, Yaroslav Popov, Elena Kovalenko, Anna Ilinskaya, Anna Kim, Nikolay Plotnikov, Nikolay Neznanov, Valeriy Ilinsky, Aleksandr Kibitov, Galina Mazo

Published Online: June 2024

This appendix is a part of the original submission.

The appendix is posted as it was supplied by the authors.

Table S1. GWAS characteristics of psychiatric and somatic phenotypes, summary statistics of which were used to construct PRS

GWAS characteristics	Cases/Controls	Ethnic origin	Method of phenotyping	References
Major depression from PGC	45,396/97,250	European	SDI and EMR	[1]
Major depression from UK Biobank	16,301/329,443	British of European origin	Electronic SDI	[2]
Minimal phenotype of depression from UK Biobank	113,262/219,360	British of European origin	Minimal phenotype	[2]
Meta-analysis of depression from PGC and UK Biobank	170,756/329,443	European	Minimal phenotype, SDI, EMR	[3]
Major depression from CONVERGE consortium	5,303/5,337	Han Chinese	SDI	[4]
Bipolar disorder from PGC	20,352/31,358	European	SDI, EMR	[5]
Schizophrenia from PGC 2 nd wave	11,260/24,542	European	SDI	[6]
Schizophrenia from PGC 3 rd wave	67,390/94,015	80% European, 20% East Asian	SDI	[7]
Anxiety disorders from PGC (categorical and quantitative)	20,352/31,358	European	SDI	[8]
Neuroticism	63,661	European	Psychometrics scales*	[9]
Omega-3 fatty acids Type 2 diabetes mellitus Ischemic stroke Crohn's disease BMI Alzheimer's disease Total cholesterol Rheumatoid arthritis Irritable bowel syndrome Glycated hemoglobin Total triglycerides Multiple sclerosis Narrow coronary artery disease Broad coronary artery disease Low density lipoprotein cholesterol High density lipoprotein cholesterol Migraine	337,151	European	EMR	[10]

Note: SDI — structured diagnostic interview, EMR — electronic medical record; *Psychometrics scales: NEO Personality Inventory, Eysenck Personality Questionnaire, International Personality Item Pool inventory, Cloninger's Tridimensional Personality Questionnaire, Multidimensional Personality Questionnaire, EPQ Revised Short Form.

References

1. Wray NR, Ripke S, Mattheisen M, et al. Genome-wide association analyses identify 44 risk variants and refine the genetic architecture of major depression. *Nat Genet.* 2018;50(5):668–81. doi: 10.1038/s41588-018-0090-3
2. Cai N, Revez JA, Adams MJ, et al. Minimal phenotyping yields genome-wide association signals of low specificity for major depression. *Nat Genet.* 2020;52(4):437–47. doi: 10.1038/s41588-020-0594-5
3. Howard DM, Adams MJ, Clarke TK, et al. Genome-wide meta-analysis of depression identifies 102 independent variants and highlights the importance of the prefrontal brain regions. *Nat Neurosci.* 2019;22(3):343–52. doi: 10.1038/s41593-018-0326-7
4. CONVERGE consortium. Sparse whole-genome sequencing identifies two loci for major depressive disorder. *Nature.* 2015;523(7562):588–91. doi: 10.1038/nature14659
5. Stahl EA, Breen G, Forstner AJ, et al. Genome-wide association study identifies 30 loci associated with bipolar disorder. *Nat Genet.* 2019;51(5):793–803. doi: 10.1038/s41588-019-0397-8
6. Pardiñas AF, Holmans P, Pocklington AJ, et al. Common schizophrenia alleles are enriched in mutation-intolerant genes and in regions under strong background selection. *Nat Genet.* 2018;50(3):381–9. doi: 10.1038/s41588-018-0059-2. Erratum in: *Nat Genet.* 2019;51(7):1193.
7. Lam M, Chen CY, Li Z, et al. Comparative genetic architectures of schizophrenia in East Asian and European populations. *Nat Genet.* 2019;51(12):1670–8. doi: 10.1038/s41588-019-0512-x
8. Otowa T, Hek K, Lee M, et al. Meta-analysis of genome-wide association studies of anxiety disorders. *Mol Psychiatry.* 2016;21(10):1391–9. doi: 10.1038/mp.2015.197. Erratum in: *Mol Psychiatry.* 2016;21(10):1485.
9. Genetics of Personality Consortium, de Moor MH, van den Berg SM., Verweij KJ., et al. Meta-analysis of genome-wide association studies for neuroticism, and the polygenic association with major depressive disorder. *JAMA Psychiatry.* 2015;72(7):642–50. doi: 10.1001/jamapsychiatry.2015.0554
10. Thompson DJ, Wells D, Selzam S, et al. UK Biobank release and systematic evaluation of optimised polygenic risk scores for 53 diseases and quantitative traits. *medRxiv* 2022.06.16.22276246. doi: 10.1101/2022.06.16.22276246

Дополнительные материалы.

Таблица S1.

doi: 10.17816/CP15494-145274

Генетические ассоциации ангедонии: новые аспекты взаимосвязи психических и соматических расстройств

Евгений Касьянов, Дарья Пинахина, Александр Ракитко, Екатерина Вергасова, Данат Ермакович, Григорий Рукавишников, Лариса Малышко, Ярослав Попов, Елена Коваленко, Анна Ильинская, Анна Ким, Николай Плотников, Николай Незнанов, Валерий Ильинский, Александр Кибитов, Галина Мазо

Опубликована онлайн: июнь 2023

Это приложение является частью исходной статьи.

Приложение публикуется в том виде, в каком оно было предоставлено авторами.

Таблица S1. Характеристики GWAS психиатрических и соматических фенотипов, сводная статистика которых использована для определения PRS

Характеристики GWAS	Число случаев/ контрольная группа	Этническое происхождение	Метод фенотипирования	Ссылка на источник
Большое депрессивное расстройство по данным PGC	45 396/97 250	Европейское	SDI и EMR	[1]
Большое депрессивное расстройство по данным UK Biobank	16 301/329 443	Британцы европейского происхождения	Электронное SDI	[2]
Минимальный фенотип депрессии по данным UK Biobank	113 262/219 360	Британцы европейского происхождения	Минимальный фенотип	[2]
Метаанализ депрессии по данным PGC и UK Biobank	170 756/329 443	Европейское	Минимальный фенотип, SDI, EMR	[3]
Большое депрессивное расстройство по данным консорциума CONVERGE	5 303/5 337	Ханьское (китайское)	SDI	[4]
Биполярное расстройство по данным PGC	20 352/31 358	Европейское	SDI, EMR	[5]
Шизофрения по данным PGC, исследования 2-й волны	11 260/24 542	Европейское	SDI	[6]
Шизофрения по данным PGC, исследования 3-й волны	67 390/94 015	80 % лиц европейского, 20 % лиц восточно-азиатского происхождения	SDI	[7]
Тревожные расстройства по данным PGC (категориальные и количественные)	20 352/31 358	Европейское	SDI	[8]
Невротические черты	63 661	Европейское	Психометрические шкалы*	[9]

Уровень омега-3 жирных кислот Сахарный диабет 2-го типа Ишемический инсульт Болезнь Крона ИМТ Болезнь Альцгеймера Уровень общего холестерина Ревматоидный артрит Синдром раздраженного кишечника Гликированный гемоглобин Общий уровень триглицеридов Рассеянный склероз Ишемическая болезнь сердца, узкий поисковый запрос Ишемическая болезнь сердца, широкий поисковый запрос Холестерин липопротеинов низкой плотности Холестерин липопротеинов высокой плотности Мигрень	337 151	Европейское	EMR	[10]
---	---------	-------------	-----	------

Примечание: SDI — структурированный диагностический опрос (structured diagnostic interview), EMR — электронная медицинская карта (electronic medical record); *Психометрические шкалы: Личностный опросник NEO, Личностный опросник Айзенка, Международный набор пунктов для оценки личности, Трехосевой личностный опросник Клонингера, Многоосевой личностный опросник, Пересмотренный краткий опросник EPQ.

References

1. Wray NR, Ripke S, Mattheisen M, et al. Genome-wide association analyses identify 44 risk variants and refine the genetic architecture of major depression. *Nat Genet.* 2018;50(5):668–81. doi: 10.1038/s41588-018-0090-3
2. Cai N, Revez JA, Adams MJ, et al. Minimal phenotyping yields genome-wide association signals of low specificity for major depression. *Nat Genet.* 2020;52(4):437–47. doi: 10.1038/s41588-020-0594-5
3. Howard DM, Adams MJ, Clarke TK, et al. Genome-wide meta-analysis of depression identifies 102 independent variants and highlights the importance of the prefrontal brain regions. *Nat Neurosci.* 2019;22(3):343–52. doi: 10.1038/s41593-018-0326-7
4. CONVERGE consortium. Sparse whole-genome sequencing identifies two loci for major depressive disorder. *Nature.* 2015;523(7562):588–91. doi: 10.1038/nature14659
5. Stahl EA, Breen G, Forstner AJ, et al. Genome-wide association study identifies 30 loci associated with bipolar disorder. *Nat Genet.* 2019;51(5):793–803. doi: 10.1038/s41588-019-0397-8
6. Pardiñas AF, Holmans P, Pocklington AJ, et al. Common schizophrenia alleles are enriched in mutation-intolerant genes and in regions under strong background selection. *Nat Genet.* 2018;50(3):381–9. doi: 10.1038/s41588-018-0059-2. Erratum in: *Nat Genet.* 2019;51(7):1193.
7. Lam M, Chen CY, Li Z, et al. Comparative genetic architectures of schizophrenia in East Asian and European populations. *Nat Genet.* 2019;51(12):1670–8. doi: 10.1038/s41588-019-0512-x
8. Otowa T, Hek K, Lee M, et al. Meta-analysis of genome-wide association studies of anxiety disorders. *Mol Psychiatry.* 2016;21(10):1391–9. doi: 10.1038/mp.2015.197. Erratum in: *Mol Psychiatry.* 2016;21(10):1485.
9. Genetics of Personality Consortium, de Moor MH, van den Berg SM., Verweij KJ., et al. Meta-analysis of genome-wide association studies for neuroticism, and the polygenic association with major depressive disorder. *JAMA Psychiatry.* 2015;72(7):642–50. doi: 10.1001/jamapsychiatry.2015.0554
10. Thompson DJ, Wells D, Selzam S, et al. UK Biobank release and systematic evaluation of optimised polygenic risk scores for 53 diseases and quantitative traits. *medRxiv* 2022.06.16.22276246. doi: 10.1101/2022.06.16.22276246