

Table S5. Comparison between the heritability estimated for WTCCC with REML implemented in GCTA and HE-regression model implemented in PCGC

Disease	Male				Female				Z-score (REML M - F)	Z-score (HE-reg M - F)
	REML		HE-regression		REML		HE-regression			
	h^2_g	SE	h^2_g	SE	h^2_g	SE	h^2_g	SE		
AS	0.110	0.042	0.120	0.058	0.150	0.074	0.180	0.100	-0.500	-0.500
BD	0.180	0.081	0.350	0.127	0.220	0.057	0.380	0.082	-0.400	-0.200
CAD	0.250	0.090	0.290	0.121	0.500	0.219	0.700	0.349	-1.100	-1.100
CD	0.140	0.060	0.120	0.089	0.170	0.044	0.200	0.067	-0.400	-0.700
HT	0.180	0.209	0.250	0.296	0.730	0.166	0.850	0.234	-2.100	-1.600
MS	0.170	0.021	0.300	0.039	0.170	0.016	0.280	0.029	-0.100	0.400
RA	0.200	0.105	0.240	0.154	0.080	0.049	0.100	0.069	1.100	0.800
T1D	0.140	0.060	0.170	0.090	0.080	0.061	0.130	0.082	0.800	0.400
T2D	0.310	0.120	0.480	0.177	0.370	0.148	0.560	0.205	-0.300	-0.300
meta-analysis	0.160	0.016	0.240	0.027	0.170	0.013	0.260	0.022	-0.300	-0.400

Abbreviations: h^2_g , heritability; SE standard error.