

- J., Magalang U., Mahaney M., Make B., Manichaikul A., Manning A., Marton M., Mathai S., May S., McArdle P., McFarland S., McGoldrick D., McNeil B., Mei H., Meigs J., Menon V., Mestroni L., Metcalf G., Meyers D., Mignot E., Min N., Minear M., Minster R., Moll M., Momin Z., Montasser M., Montgomery C., Muzny D., Mychaleckyj J., Nadkarni G., Naik R., Naseri T., Natarajan P., Nekhai S., Nelson S., Neltner B., Nessner C., Nkechinyere O., O'Connor T., Ochs-Balcom H., Okwuonu G., Pack A., Paik D., Pankow J., Papanicolaou G., Parker C., Peloso G., Peralta J., Perez M., Peyser P., Phillips L., Pleiness J., Pollin T., Post W., Becker J., Boorgula M., Qasba P., Qiao D., Qin Z., Rafaels N., Rajendran M., Rao D., Ratan A., Reed R., Reeves C., Reupena M., Rice K., Robillard R., Robine N., Roselli C., Ruczinski L., Runnels A., Russell P., Ruuska S., Ryan K., Sabino E., Saleheen D., Salimi S., Salvi S., Salzberg S., Sandow K., Sankaran V., Santibanez J., Schwander K., Schwartz D., Sciurba F., Seidman C., Seidman J., Sheehan V., Sherman S., Shetty A., Shetty A., Sheu W., Silver B., Silverman E., Skomro R., Smith A., Smith T., Smoller S., Snively B., Snyder M., Sofer T., Sotoodehnia N., Stilp A., Storm G., Streeten E., Su J., Sung Y., Sylvia J., Szpiro A., Taliun D., Tang H., Taub M., Taylor K., Taylor M., Taylor S., Telen M., Thornton T., Threlkeld M., Tinker L., Tirschwell D., Tishkoff S., Tiwari H., Tong C., Tracy R., Tsai M., Vaidya D., Van Den Berg D., Vandehaar P., Vrieze S., Walker T., Wallace R., Walts A., Wang F., Wang H., Wang J., Watson K., Watt J., Weeks D., Weinstock J., Weiss S., Weng L., Willer C., Williams K., Williams L., Wilson C., Wilson J., Winterkorn L., Wong Q., Wu J., Yang I., Yu K., Zekavat S., Zhang Y., Zhao S., Zhao W., Zody M., Cupples L., Shadyab A., McKnight B., Shoemaker B., Mitchell B., Psaty B., Kooperberg C., Liu C., Albert C., Roden D., Chasman D., Darbar D., Lloyd - Jones D., Arnett D., Regan E., Boerwinkle E., Rotter J., O'Connell J., Yanek L., De Andrade M., Allison M., McDonald M., Chung M., Fornage M., Chami N., Smith N., Ellinor P., Vasan R., Mathias R., Loos R., Rich S., Lubitz S., Heckbert S., Redline S., Guo X., Chen Y., Laurie C., Hernandez R., McGarvey S., Goddard M., Laurie C., North K., Lange L., Weir B., Yengo L., Yang J., and Visscher P., 2022, Assessing the contribution of rare variants to complex trait heritability from whole-genome sequence data, *Nature Genetics*, 54: 263-273.
- Wang S., Wei Y., Liu D., Zhang X., Wang Q., Pan Y., and Ma P., 2025, Impact of different genomic relationship matrix construction methods on the accuracy of genomic prediction in different species, *Frontiers in Genetics*, 16: 1576248.
<https://doi.org/10.3389/fgene.2025.1576248>
- Wang X., Walker A., Revez J., Ni G., Adams M., McIntosh A., Visscher P., Wray N., Ripke S., Mattheisen M., Trzaskowski M., Byrne E., Abdellaoui A., Agerbo E., Air T., Andlauer T., Bacanu S., Bækvad-Hansen M., Beekman A., Bigdeli T., Binder E., Bryois J., Buttenschön H., Bybjerg-Grauholm J., Cai N., Christensen J., Clarke T., Coleman J., Colodro-Conde L., Couvy-Duchesne B., Craddock N., Crawford G., Davies G., Degenhardt F., Derks E., Direk N., Dolan C., Dunn E., Eley T., Escott-Price V., Kiadeh F., Finucane H., Foo J., Forstner A., Frank J., Gaspar H., Gill M., Goes F., Gordon S., Grove J., Hall L., Hansen C., Hansen T., Herms S., Hickie I., Hoffmann P., Homuth G., Horn C., Hottenga J., Hougaard D., Howard D., Ising M., Jansen R., Jones I., Jones L., Jorgenson E., Knowles J., Kohane I., Kraft J., Kretschmar W., Kutalik Z., Li Y., Lind P., Macintyre D., MacKinnon D., Maier R., Maier W., Marchini J., Mbarek H., McGrath P., McGuffin P., Medland S., Mehta D., Middeldorp C., Mihailov E., Milanesechi Y., Milani L., Mondimore F., Montgomery G., Mostafavi S., Mullins N., Nauck M., Ng B., Nivard M., Nyholt D., O'Reilly P., Oskarsson H., Owen M., Painter J., Pedersen B., Pedersen M., Peterson R., Peyrot W., Pistis G., Posthuma D., Quiroz J., Qvist P., Rice J., Riley B., Rivera M., Mirza S., Schoevers R., Schulte E., Shen L., Shi J., Shyn S., Sigurdsson E., Sinnamón G., Smit J., Smith D., Stefánsson H., Steinberg S., Streit F., Strohmaier J., Tansey K., Teismann H., Teumer A., Thompson W., Thomson P., Thorgerisson T., Traylor M., Treutlein J., Trubetskoy V., Uitterlinden A., Umbricht D., Van Der Auwera S., Van Hemert A., Viktorin A., Wang Y., Webb B., Weinsheimer S., Wellmann J., Willemsen G., Witt S., Wu Y., Xi H., Yang J., Zhang F., Arolt V., Baune B., Berger K., Boomsma D., Cichon S., Dannlowski U., De Geus E., DePaulo J., Domenici E., Domschke K., Esko T., Grabe H., Hamilton S., Hayward C., Heath A., Kendler K., Kloiber S., Lewis G., Li Q., Lucae S., Madden P., Magnusson P., Martin N., Metspalu A., Mors O., Mortensen P., Müller-Myhsok B., Nordentoft M., Nöthen M., O'Donovan M., Paciga S., Pedersen N., Penninx B., Perlis R., Porteous D., Potash J., Preisig M., Rietschel M., Schaefer C., Schulze T., Smoller J., Stefansson K., Tiemeier H., Uher R., Völzke H., Weissman M., Werge T., Lewis C., Levinson D., Breen G., Børglum A., and Sullivan P., 2023, Polygenic risk prediction: why and when out-of-sample prediction R2 can exceed SNP-based heritability, *American Journal of Human Genetics*, 110(7): 1207-1215.
<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2023.06.006>
- Wei J., Xie W., Li R., Wang S., Qu H., Ma R., Zhou X., and Jia Z., 2020, Analysis of trait heritability in functionally partitioned rice genomes, *Heredity*, 124(3): 485-498.
<https://doi.org/10.1038/s41437-019-0244-9>
- Weissbrod O., Hormozdiari F., Benner C., Cui R., Ulirsch J., Gazal S., Schoech A., Van De Geijn B., Reshef Y., Márquez-Luna C., O'Connor L., Pirinen M., Finucane H., and Price A., 2019, Functionally-informed fine-mapping and polygenic localization of complex trait heritability, *Nature Genetics*, 52: 1355-1363.
<https://doi.org/10.1038/s41588-020-00735-5>
- Yang J., Bakshi A., Zhu Z., Hemani G., Vinkhuyzen A.A.E., Lee S.H., Robinson M.R., Perry J.R.B., Nolte I.M., van Vliet-Ostaptchouk J.V., Snieder H., Esko T., Milani L., Mägi R., Metspalu A., Hamsten A., Magnusson P.K.E., Pedersen N.L., Ingelsson E., Soranzo N., Keller M.C., Wray N.R., Goddard M.E., Visscher P.M., 2015, Genetic variance estimation with imputed variants finds negligible missing heritability for human height and body mass index, *Nature Genetics*, 47: 1114-1120.
<https://doi.org/10.1038/ng.3390>
- Yang J., Lee S., Wray N., Goddard M., and Visscher P., 2016, GCTA-GREML accounts for linkage disequilibrium when estimating genetic variance from genome-wide SNPs, *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*, 113(32): E4579-E4580.
<https://doi.org/10.1073/pnas.1602743113>
- Yang J., Lee S.H., Goddard M.E., and Visscher P.M., 2011, GCTA: A tool for genome-wide complex trait analysis, *American Journal of Human Genetics*, 88(1): 76-82.
<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2010.11.011>