

Supplementary Table 1. Results of heritability estimates for additional parameter setting of simulated genotypes and simulated phenotypes.

h^2	Dist(θ)	F_{ST}	r	\hat{h}^2	s.e.
0.8	Normal	0.3	1	0.799	0.003
0.8	Fixed	0.3	1	0.803	0.003
0.8	Uniform	0.3	1	0.802	0.003
0.8	Normal	0.3	0.1	0.793	0.005
0.8	Fixed	0.3	0.1	0.809	0.005
0.8	Uniform	0.3	0.1	0.802	0.005
0.5	Normal	0.3	1	0.494	0.003
0.5	Fixed	0.3	1	0.506	0.002
0.5	Uniform	0.3	1	0.504	0.002
0.5	Normal	0.3	0.1	0.493	0.004
0.5	Fixed	0.3	0.1	0.505	0.003
0.5	Uniform	0.3	0.1	0.502	0.003
0.8	Normal	0.15	1	0.791	0.006
0.8	Fixed	0.15	1	0.800	0.004
0.8	Uniform	0.15	1	0.800	0.004
0.8	Normal	0.15	0.1	0.789	0.007
0.8	Fixed	0.15	0.1	0.802	0.006
0.8	Uniform	0.15	0.1	0.804	0.006
0.5	Normal	0.15	1	0.493	0.006
0.5	Fixed	0.15	1	0.502	0.004
0.5	Uniform	0.15	1	0.498	0.004
0.5	Normal	0.15	0.1	0.496	0.006
0.5	Fixed	0.15	0.1	0.497	0.005
0.5	Uniform	0.15	0.1	0.500	0.005

Supplementary Table 2. Heritability estimates of local ancestry (a) and inferred narrow sense heritability (b) for each phenotype in the CARE data set partitioned across each chromosome.

(a)

Chrom	LDL	se	logHDL	se	WBC	se
1	0.0001	0.0008	0.0020	0.0018	0.2258	0.0378
2	0.0046	0.0029	0.0026	0.0022	0.0021	0.0023
3	0.0000	0.0009	0.0015	0.0017	0.0002	0.0014
4	0.0034	0.0027	0.0006	0.0012	0.0004	0.0013
5	0.0000	0.0009	0.0001	0.0008	0.0031	0.0030

6	0.0000	0.0008	0.0000	0.0018	0.0000	0.0011
7	0.0003	0.0010	0.0020	0.0016	0.0023	0.0023
8	0.0005	0.0013	0.0010	0.0012	0.0006	0.0013
9	0.0000	0.0009	0.0036	0.0026	0.0020	0.0022
10	0.0000	0.0011	0.0005	0.0011	0.0000	0.0016
11	0.0000	0.0018	0.0022	0.0019	0.0015	0.0020
12	0.0011	0.0013	0.0026	0.0023	0.0025	0.0026
13	0.0008	0.0013	0.0004	0.0010	0.0004	0.0011
14	0.0035	0.0026	0.0001	0.0006	0.0015	0.0020
15	0.0000	0.0006	0.0033	0.0026	0.0000	0.0013
16	0.0000	0.0007	0.0008	0.0011	0.0000	0.0009
17	0.0000	0.0008	0.0006	0.0010	0.0018	0.0018
18	0.0000	0.0008	0.0000	0.0006	0.0022	0.0023
19	0.0001	0.0006	0.0004	0.0010	0.0000	0.0025
20	0.0000	0.0007	0.0000	0.0005	0.0007	0.0013
21	0.0009	0.0013	0.0003	0.0006	0.0000	0.0009
22	0.0000	0.0009	0.0001	0.0004	0.0000	0.0016

WBC FY	se	height	se	BMI	se
0.0000	0.0015	0.0000	0.0010	0.0002	0.0009
0.0006	0.0016	0.0065	0.0037	0.0008	0.0013
0.0000	0.0015	0.0013	0.0016	0.0050	0.0033
0.0002	0.0013	0.0000	0.0009	0.0023	0.0019
0.0044	0.0037	0.0029	0.0023	0.0007	0.0011
0.0000	0.0022	0.0041	0.0031	0.0008	0.0012
0.0018	0.0022	0.0034	0.0024	0.0003	0.0008
0.0000	0.0012	0.0007	0.0011	0.0021	0.0020
0.0019	0.0019	0.0012	0.0014	0.0024	0.0023
0.0002	0.0011	0.0012	0.0014	0.0000	0.0012
0.0000	0.0017	0.0004	0.0008	0.0000	0.0014
0.0019	0.0024	0.0035	0.0023	0.0000	0.0006
0.0001	0.0009	0.0009	0.0012	0.0000	0.0011
0.0015	0.0020	0.0007	0.0013	0.0012	0.0012
0.0000	0.0014	0.0017	0.0015	0.0000	0.0005
0.0000	0.0012	0.0000	0.0007	0.0000	0.0008
0.0017	0.0017	0.0013	0.0013	0.0005	0.0010
0.0021	0.0021	0.0000	0.0008	0.0000	0.0006
0.0000	0.0017	0.0002	0.0006	0.0007	0.0012
0.0000	0.0007	0.0003	0.0010	0.0000	0.0007

0.0000	0.0013	0.0000	0.0004	0.0000	0.0008
0.0000	0.0008	0.0003	0.0028	0.0000	0.0011

BPR1	se	BPR2	se	Chrom Length	Mean h2	se
0.0031	0.0022	0.0021	0.0018	249250621	0.0011	0.0014
0.0027	0.0020	0.0054	0.0033	243199373	0.0033	0.0024
0.0000	0.0009	0.0000	0.0008	198022430	0.0011	0.0015
0.0000	0.0009	0.0000	0.0008	191154276	0.0009	0.0014
0.0006	0.0011	0.0029	0.0022	180915260	0.0017	0.0017
0.0005	0.0012	0.0002	0.0011	171115067	0.0008	0.0016
0.0000	0.0010	0.0000	0.0010	159138663	0.0011	0.0014
0.0017	0.0016	0.0008	0.0011	146364022	0.0010	0.0014
0.0005	0.0010	0.0023	0.0018	141213431	0.0017	0.0017
0.0002	0.0008	0.0000	0.0012	135534747	0.0003	0.0011
0.0000	0.0008	0.0018	0.0017	135006516	0.0006	0.0014
0.0000	0.0008	0.0000	0.0006	133851895	0.0013	0.0015
0.0000	0.0008	0.0001	0.0007	115169878	0.0003	0.0010
0.0010	0.0014	0.0022	0.0019	107349540	0.0014	0.0016
0.0008	0.0009	0.0000	0.0010	102531392	0.0008	0.0012
0.0003	0.0008	0.0000	0.0006	90354753	0.0002	0.0008
0.0009	0.0012	0.0003	0.0007	81195210	0.0008	0.0011
0.0000	0.0007	0.0000	0.0005	78077248	0.0003	0.0009
0.0023	0.0025	0.0011	0.0011	59128983	0.0007	0.0012
0.0000	0.0012	0.0000	0.0011	63025520	0.0000	0.0008
0.0006	0.0008	0.0000	0.0004	48129895	0.0003	0.0008
0.0000	0.0017	0.0001	0.0005	51304566	0.0001	0.0012

(b)

Chrom	LDL	se	logHDL	se	WBC	se
1	0.0014	0.0150	0.0369	0.0340	4.1580	0.6970
2	0.0847	0.0539	0.0477	0.0400	0.0383	0.0432
3	0.0000	0.0169	0.0275	0.0307	0.0040	0.0249
4	0.0635	0.0503	0.0116	0.0224	0.0080	0.0248
5	0.0005	0.0164	0.0012	0.0153	0.0569	0.0548
6	0.0000	0.0143	0.0000	0.0339	0.0000	0.0209
7	0.0059	0.0182	0.0367	0.0296	0.0421	0.0421
8	0.0097	0.0243	0.0187	0.0215	0.0117	0.0238
9	0.0000	0.0171	0.0671	0.0486	0.0364	0.0400
10	0.0000	0.0212	0.0100	0.0202	0.0000	0.0301
11	0.0000	0.0325	0.0409	0.0356	0.0276	0.0377
12	0.0207	0.0243	0.0474	0.0419	0.0455	0.0470
13	0.0152	0.0246	0.0073	0.0179	0.0066	0.0210
14	0.0641	0.0471	0.0011	0.0101	0.0285	0.0369
15	0.0007	0.0108	0.0608	0.0473	0.0000	0.0243
16	0.0000	0.0130	0.0148	0.0211	0.0000	0.0171
17	0.0000	0.0156	0.0114	0.0177	0.0329	0.0325

18	0.0000	0.0138	0.0000	0.0115	0.0398	0.0415
19	0.0013	0.0118	0.0077	0.0177	0.0000	0.0468
20	0.0000	0.0122	0.0000	0.0099	0.0132	0.0239
21	0.0159	0.0230	0.0052	0.0114	0.0000	0.0160
22	0.0000	0.0163	0.0016	0.0081	0.0000	0.0291
pv(weighted)	0.1397		0.0233		0.0665	
pv(unweighted)	0.1049		0.0622		0.0317	

WBC FY	se	height	se	BMI	se	BPR1	se
0.0000	0.0284	0.0000	0.0183	0.0032	0.0174	0.0562	0.0399
0.0114	0.0297	0.1204	0.0687	0.0155	0.0231	0.0496	0.0373
0.0000	0.0274	0.0238	0.0286	0.0922	0.0608	0.0000	0.0163
0.0044	0.0233	0.0000	0.0168	0.0427	0.0356	0.0000	0.0171
0.0818	0.0677	0.0533	0.0421	0.0132	0.0207	0.0109	0.0193
0.0000	0.0402	0.0757	0.0562	0.0150	0.0228	0.0085	0.0220
0.0327	0.0396	0.0633	0.0438	0.0062	0.0156	0.0000	0.0190
0.0000	0.0219	0.0130	0.0203	0.0389	0.0367	0.0304	0.0302
0.0342	0.0356	0.0222	0.0262	0.0435	0.0418	0.0099	0.0184
0.0038	0.0207	0.0216	0.0254	0.0000	0.0226	0.0039	0.0150
0.0000	0.0316	0.0072	0.0149	0.0000	0.0257	0.0000	0.0141
0.0346	0.0440	0.0643	0.0425	0.0003	0.0105	0.0000	0.0145
0.0022	0.0165	0.0168	0.0213	0.0000	0.0196	0.0000	0.0144
0.0275	0.0362	0.0121	0.0236	0.0217	0.0226	0.0191	0.0252
0.0000	0.0250	0.0306	0.0269	0.0000	0.0099	0.0142	0.0172
0.0000	0.0213	0.0000	0.0131	0.0000	0.0148	0.0058	0.0152
0.0320	0.0317	0.0237	0.0246	0.0087	0.0179	0.0159	0.0219
0.0391	0.0394	0.0000	0.0150	0.0000	0.0117	0.0000	0.0136
0.0000	0.0304	0.0037	0.0105	0.0129	0.0213	0.0427	0.0466
0.0000	0.0134	0.0058	0.0186	0.0000	0.0129	0.0000	0.0212
0.0000	0.0247	0.0005	0.0076	0.0000	0.0138	0.0109	0.0152
0.0000	0.0144	0.0047	0.0512	0.0000	0.0204	0.0000	0.0304
0.2842		0.0028		0.0197		0.4301	
0.6475		0.0146		0.0541		0.0859	

BPR2	se	Chrom Length	Mean h2	Mean se
0.0386	0.0332	249250621	0.0195	0.0266
0.0998	0.0603	243199373	0.0613	0.0447
0.0000	0.0154	198022430	0.0205	0.0280
0.0000	0.0155	191154276	0.0175	0.0259
0.0526	0.0397	180915260	0.0305	0.0316
0.0039	0.0197	171115067	0.0147	0.0299
0.0000	0.0179	159138663	0.0207	0.0263
0.0149	0.0210	146364022	0.0180	0.0251
0.0429	0.0331	141213431	0.0314	0.0315
0.0000	0.0221	135534747	0.0056	0.0210
0.0334	0.0307	135006516	0.0117	0.0264
0.0005	0.0114	133851895	0.0240	0.0270
0.0019	0.0129	115169878	0.0062	0.0182

0.0403	0.0352	107349540	0.0266	0.0286
0.0000	0.0176	102531392	0.0152	0.0221
0.0005	0.0102	90354753	0.0030	0.0155
0.0056	0.0135	81195210	0.0139	0.0204
0.0000	0.0091	78077248	0.0056	0.0163
0.0195	0.0208	59128983	0.0125	0.0227
0.0000	0.0208	63025520	0.0008	0.0156
0.0001	0.0068	48129895	0.0047	0.0146
0.0013	0.0087	51304566	0.0011	0.0214
0.0168			0.0002	
0.0113			0.0004	

Supplementary Table 3. CARE chip based heritability estimates h_g^2 and estimates adjusted ($h_{g\text{ adj}}^2$) by the Yang et al method for incomplete coverage of genotyping platforms¹. We followed their example, which assumed causal variants had the same allele frequency spectrum as genotyped SNPs giving parameters $\theta=0.5$ and $c=0$.

Phenotype	CARE h_g^2	s.e.	CARE $h_{g\text{ adj}}^2$	s.e.
height	0.378	0.029	0.383	0.030
BMI	0.345	0.032	0.352	0.033
Log(HDL)	0.224	0.066	0.227	0.067
LDL	0.156	0.067	0.158	0.068
WBC	0.848	0.091	0.858732	0.091849
WBCIFY	0.167	0.097	0.171	0.098

Supplementary Table 4. Bias in estimates of heritability due to strong selection at a locus as a function of the heritability of the locus and the F_{STC} of the locus.

locus h^2	F_{STC}	bias
0.010	0.200	0.001
0.020	0.200	0.002
0.050	0.200	0.006
0.075	0.200	0.008
0.100	0.200	0.011
0.150	0.200	0.017
0.200	0.200	0.022
0.010	0.300	0.007
0.020	0.300	0.013
0.050	0.300	0.033
0.075	0.300	0.050
0.100	0.300	0.067
0.150	0.300	0.100
0.200	0.300	0.133
0.010	0.400	0.012

0.020	0.400	0.024
0.050	0.400	0.061
0.075	0.400	0.092
0.100	0.400	0.122
0.150	0.400	0.183
0.200	0.400	0.244

1 Yang, J. *et al.* Common SNPs explain a large proportion of the heritability for human height. *Nat Genet* **42**, 565-569, doi:ng.608 [pii] 10.1038/ng.608 (2010).