

TD Genome-Wide Association Studies

Article à lire : COVID-19 Host Genetics Initiative. Mapping the human genetic architecture of COVID-19. *Nature* **600**, 472–477 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03767-x>

Questions:

1. Quels sont les objectifs de cette étude ?
2. Quel est l'intérêt d'identifier des facteurs génétiques associés à la sévérité de la COVID 19 ?
3. Quels sont les phénotypes étudiés dans cette GWAS ?
4. Comment l'effet de la structuration génétique a-t-il été contrôlé ?
5. Comment les scores des différentes études ont-ils été combinés pour la méta-analyse ?
6. Quels sont les covariables communes à toutes les GWAS participant à l'étude ?
7. Quels logiciels étaient recommandés pour le test d'association ?
8. Quel seuil de significativité a été utilisé dans l'étude ?
9. Combien de locus significatifs ont été trouvés ? Quelle est leur association avec chacun des phénotypes étudiés ?
10. Les auteurs distinguent deux groupes de locus associés selon leurs effets sur les phénotypes. Quels sont ces deux groupes et comment se distinguent-ils ?
11. Sur quels critères les gènes sous-jacents aux SNPs significatifs ont-ils été priorisés pour interpréter les associations ?
12. Quels sont les caractères génétiquement corrélés aux phénotypes étudiés ?
13. Quels caractères sont potentiellement associés de manière causale au risque de COVID-19 ? Comment expliquer la différence avec les caractères identifiés à la question 12.