- NAFLD GWAS UKB SAIGE (concaténation des step1 et step2): **01 - UKB\_SAIGE\_NAFLD.sh**

- Méta-analyse NAFLD (modifications, à partir des scripts de méta-analyses plus récents, du fichier "GWAS\_by\_chr\_and\_Meta\_analysis\_NAFLD\_new.R"): **02 - Meta\_analysis\_NAFLD.R**

- bGWAS (légères modifications du fichier "bGWAS\_NAFLD\_new.R"): **03 - bGWAS\_NAFLD.R**

- NAFLD\_adj\_BMI GWAS UKB SAIGE (concaténation des step1 et step2): **04 ‑ UKB\_SAIGE\_NAFLD\_adj\_BMI.sh**

- Méta-analyse NAFLD\_adj\_BMI (modifications, à partir des scripts de méta-analyses plus récents, du fichier "GWAS\_by\_chr\_and\_Meta\_analysis\_NAFLD\_adj\_BMI.R"): **05 ‑ Meta\_analysis\_NAFLD\_adj\_BMI.R**

- Correlation génétique (figure 4: voir Eloi). Dans "Projects/Nooshin\_NAFLD/Analysis: **06a ‑ create\_NAFLD\_readytoLDHub.R** et **06b - extract\_LD\_HUB.R**

- TWAS NAFLD avec GTEx8 (qui l'a faite? Jérôme ou Nicolas probablement...)

- LocuscompareR pour LPL (dans coloc)