# Article information:

(PDF) Analysis of the joint effect of SNPs to identify independent loci and allelic heterogeneity in schizophrenia GWAS data  
<https://www.researchgate.net/publication/321839344_Analysis_of_the_joint_effect_of_SNPs_to_identify_independent_loci_and_allelic_heterogeneity_in_schizophrenia_GWAS_data>

# Article summary:

1. 本文研究了如何捕捉等位基因异质性和识别联合效应位点，以揭示精神分裂症的“隐藏遗传性”。使用两种工具，cojo-GCTA和multi-SNP，对最新的PGC精神分裂症GWAS进行了分析。

2. cojo-GCTA鉴定出96个独立信号，其中85个通过了全基因组显著性阈值。与CLUMP交叉验证的结果为76%。cojo-GCTA和multi-SNP之间的重叠更好（高达92%）。只有少数精神分裂症位点显示联合效应或等位基因异质性。

3. cojo-GCTA比CLUMP鉴定出较少的独立位点，并且似乎更加保守，这可能是因为它考虑到长程LD和标记之间的相互作用效应。建议在所有特征的后GWAS分析中使用cojo-GCTA和multi-SNP来调用独立位点。

# Article rating:

Appears moderately imbalanced: The article provides some useful information, but is missing several important points or pieces of evidence that would be required to present the discussed topics in a balanced and reliable way. You are encouraged to seek a more balanced perspective on the presented issues by exploring the provided research topics and looking at different information sources.

# Article analysis:

该文章是一篇关于使用两种工具来分析精神分裂症基因组关联研究数据的论文。然而，该文章存在一些潜在的偏见和问题。

首先，该文章没有提及可能存在的风险或负面影响。例如，如果这些工具被广泛应用于其他疾病的GWAS数据中，是否会导致更多的假阳性结果？此外，该文章没有平等地呈现双方观点，只强调了两种工具的优点而忽略了它们的缺点。

其次，该文章可能存在片面报道和无根据的主张。例如，在讨论中提到“隐藏遗传性”的概念，但并没有提供足够的证据来支持这个想法。此外，在讨论中还提到只有少数位点显示出联合效应或等位基因异质性，但并没有探索为什么会出现这种情况。

最后，该文章可能存在偏袒和宣传内容。例如，在结论部分中推荐使用这些工具进行后续GWAS分析，并未考虑其他可能存在的方法或技术。此外，在讨论中也没有探讨这些工具是否适用于其他类型的疾病或人群。

总之，尽管该文章提供了有关使用两种工具来分析精神分裂症GWAS数据的有用信息，但它也存在一些潜在的偏见和问题。为了更全面地评估这些工具的有效性和适用性，需要进行更多的研究和探索。

# Topics for further research:

* Potential risks and negative impacts
* Balanced presentation of both sides
* Biased reporting and unfounded claims
* Exploration of underlying reasons
* Consideration of alternative methods or techniques
* Further research and exploration needed

# Report location:

<https://www.fullpicture.app/item/4e36fe3092ac44b4ff7f14c813beb23b>