# Article information:

Computationally efficient whole-genome regression for quantitative and binary traits | Nature Genetics  
<https://www.nature.com/articles/s41588-021-00870-7>

# Article summary:

1. 自2007年以来，随着样本量的不断增加，基因组关联研究方法也在不断提高计算效率。

2. 基于整个基因组回归模型的线性混合模型和相关方法已经被广泛应用于定量特征的研究，并且已经扩展到了二元特征的研究。

3. REGENIE是一种新的机器学习方法，它比现有方法更快速，采用两步法进行分析，第一步使用岭回归预测局部多基因得分，第二步使用LOCO方案测试每个杂合位点。

# 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:

作为一篇科学论文，该文章并没有明显的偏见或宣传内容。然而，它可能存在一些片面报道和缺失的考虑点。

首先，文章主要关注了基因组关联研究中使用的计算方法，但并未深入探讨这些研究对人类健康和社会的影响。这可能导致读者忽略了这些研究所带来的潜在风险和争议。

其次，文章提到了一些现有方法的局限性，并介绍了新的机器学习方法REGENIE。然而，文章并未提供足够的证据来支持REGENIE相对于其他方法的优势。此外，文章也没有探讨REGENIE是否存在任何潜在风险或缺陷。

最后，在介绍现有方法时，文章只提到了几种常用方法，并未全面涵盖所有可用的技术。这可能导致读者对该领域中其他重要技术和发展趋势缺乏了解。

总之，尽管该文章本身并没有明显偏见或宣传内容，但它可能存在一些片面报道和缺失考虑点。同时，需要更多证据来支持新方法REGENIE相对于其他方法的优势，并探讨其潜在风险和缺陷。

# Topics for further research:

* Potential risks and controversies of genome-wide association studies
* Evidence supporting the advantages of REGENIE over other methods
* Potential risks and limitations of REGENIE
* Other important techniques and trends in the field of genome-wide association studies
* Limitations of the methods mentioned in the article
* Implications of genome-wide association studies for human health and society

# Report location:

<https://www.fullpicture.app/item/aae88023c650e9ed293762a9bb8e92af>