**Instructions**

**Please form groups of 3-4 students and prepare the assigned articles (see below). Each group will have to prepare a 10-minutes presentation (20% of the final grade). Also, each student must prepare a 1 or 2-page summary of the assigned paper (10% of the final grade) covering the following.**

1. **What is the rationale and aim/s of the study**
2. **What was the study design?**
3. **What are the main results**
4. **What are the main limitations**
5. **What was the need of the study**

**Please avoid copying the abstract of the paper. The presentation and summary should be in English**

**Paper 1. Genome-wide association studies**

Warren HR, Evangelou E, Cabrera CP, Gao H, Ren M, Mifsud B, Ntalla I,Surendran P, Liu C, Cook JP, Kraja AT, Drenos F, Loh M, Verweij N, Marten J,Karaman I, Segura Lepe MP, O'Reilly PF, Knight J, Snieder H, Kato N, He J, TaiES, Said MA, Porteous D, Alver M, Poulter N, Farrall M, Gansevoort RT,Padmanabhan S, Mägi R, Stanton A, Connell J, Bakker SJL, Metspalu A, Shields DC, Thom S, Brown M, Sever P, Esko T, Hayward C, van der Harst P, Saleheen D,Chowdhury R, Chambers JC, Chasman DI, Chakravarti A, Newton-Cheh C, Lindgren CM, Levy D, Kooner JS, Keavney B, Tomaszewski M, Samani NJ, Howson JMM, Tobin MD, Munroe PB, Ehret GB, Wain LV; International Consortium of Blood Pressure (ICBP)1000G Analyses, The CHD Exome+ Consortium, The ExomeBP Consortium, The T2D-GENES Consortium, The GoT2DGenes Consortium, The Cohorts for Heart and Ageing Research in Genome Epidemiology (CHARGE) BP Exome Consortium, The International Genomicsof Blood Pressure (iGEN-BP) Consortium, Barnes MR, Tzoulaki I, Caulfield MJ,Elliott P; UK Biobank CardioMetabolic Consortium BP working group. Genome-wide association analysis identifies novel blood pressure loci and offers biological insights into cardiovascular risk. Nat Genet. 2017 Sep 27;49(10):1558.

**Paper 2. Genome-wide association studies**

Zengini, E., K. Hatzikotoulas, I. Tachmazidou, J. Steinberg, F. P. Hartwig, L. Southam, S. Hackinger, C. G. Boer, U. Styrkarsdottir, A. Gilly, D. Suveges, B. Killian, T. Ingvarsson, H. Jonsson, G. C. Babis, A. McCaskie, A. G. Uitterlinden, J. B. J. van Meurs, U. Thorsteinsdottir, K. Stefansson, G. Davey Smith, J. M. Wilkinson and E. Zeggini (2018). "Genome-wide analyses using UK Biobank data provide insights into the genetic architecture of osteoarthritis." Nat Genet 50(4): 549-558.

**Paper 3. Genome-wide association studies**

Estrada, K., U. Styrkarsdottir, E. Evangelou, Y. H. Hsu, E. L. Duncan, E. E. Ntzani, L. Oei, O. M. Albagha, N. Amin, J. P. Kemp, D. L. Koller, G. Li, C. T. Liu, R. L. Minster, A. Moayyeri, L. Vandenput, D. Willner, S. M. Xiao, L. M. Yerges-Armstrong, H. F. Zheng, N. Alonso, J. Eriksson, C. M. Kammerer, S. K. Kaptoge, P. J. Leo, G. Thorleifsson, S. G. Wilson, J. F. Wilson, V. Aalto, M. Alen, A. K. Aragaki, T. Aspelund, J. R. Center, Z. Dailiana, D. J. Duggan, M. Garcia, N. Garcia-Giralt, S. Giroux, G. Hallmans, L. J. Hocking, L. B. Husted, K. A. Jameson, R. Khusainova, G. S. Kim, C. Kooperberg, T. Koromila, M. Kruk, M. Laaksonen, A. Z. Lacroix, S. H. Lee, P. C. Leung, J. R. Lewis, L. Masi, S. Mencej-Bedrac, T. V. Nguyen, X. Nogues, M. S. Patel, J. Prezelj, L. M. Rose, S. Scollen, K. Siggeirsdottir, A. V. Smith, O. Svensson, S. Trompet, O. Trummer, N. M. van Schoor, J. Woo, K. Zhu, S. Balcells, M. L. Brandi, B. M. Buckley, S. Cheng, C. Christiansen, C. Cooper, G. Dedoussis, I. Ford, M. Frost, D. Goltzman, J. Gonzalez-Macias, M. Kahonen, M. Karlsson, E. Khusnutdinova, J. M. Koh, P. Kollia, B. L. Langdahl, W. D. Leslie, P. Lips, O. Ljunggren, R. S. Lorenc, J. Marc, D. Mellstrom, B. Obermayer-Pietsch, J. M. Olmos, U. Pettersson-Kymmer, D. M. Reid, J. A. Riancho, P. M. Ridker, F. Rousseau, P. E. Slagboom, N. L. Tang, R. Urreizti, W. Van Hul, J. Viikari, M. T. Zarrabeitia, Y. S. Aulchenko, M. Castano-Betancourt, E. Grundberg, L. Herrera, T. Ingvarsson, H. Johannsdottir, T. Kwan, R. Li, R. Luben, C. Medina-Gomez, S. T. Palsson, S. Reppe, J. I. Rotter, G. Sigurdsson, J. B. van Meurs, D. Verlaan, F. M. Williams, A. R. Wood, Y. Zhou, K. M. Gautvik, T. Pastinen, S. Raychaudhuri, J. A. Cauley, D. I. Chasman, G. R. Clark, S. R. Cummings, P. Danoy, E. M. Dennison, R. Eastell, J. A. Eisman, V. Gudnason, A. Hofman, R. D. Jackson, G. Jones, J. W. Jukema, K. T. Khaw, T. Lehtimaki, Y. Liu, M. Lorentzon, E. McCloskey, B. D. Mitchell, K. Nandakumar, G. C. Nicholson, B. A. Oostra, M. Peacock, H. A. Pols, R. L. Prince, O. Raitakari, I. R. Reid, J. Robbins, P. N. Sambrook, P. C. Sham, A. R. Shuldiner, F. A. Tylavsky, C. M. van Duijn, N. J. Wareham, L. A. Cupples, M. J. Econs, D. M. Evans, T. B. Harris, A. W. Kung, B. M. Psaty, J. Reeve, T. D. Spector, E. A. Streeten, M. C. Zillikens, U. Thorsteinsdottir, C. Ohlsson, D. Karasik, J. B. Richards, M. A. Brown, K. Stefansson, A. G. Uitterlinden, S. H. Ralston, J. P. Ioannidis, D. P. Kiel and F. Rivadeneira (2012). "Genome-wide meta-analysis identifies 56 bone mineral density loci and reveals 14 loci associated with risk of fracture." Nat Genet 44(5): 491-501.

**Paper 4. Genome-wide association studies**

Wray, N. R., S. Ripke, M. Mattheisen, M. Trzaskowski, E. M. Byrne, A. Abdellaoui, M. J. Adams, E. Agerbo, T. M. Air, T. M. F. Andlauer, S. A. Bacanu, M. Baekvad-Hansen, A. F. T. Beekman, T. B. Bigdeli, E. B. Binder, D. R. H. Blackwood, J. Bryois, H. N. Buttenschon, J. Bybjerg-Grauholm, N. Cai, E. Castelao, J. H. Christensen, T. K. Clarke, J. I. R. Coleman, L. Colodro-Conde, B. Couvy-Duchesne, N. Craddock, G. E. Crawford, C. A. Crowley, H. S. Dashti, G. Davies, I. J. Deary, F. Degenhardt, E. M. Derks, N. Direk, C. V. Dolan, E. C. Dunn, T. C. Eley, N. Eriksson, V. Escott-Price, F. H. F. Kiadeh, H. K. Finucane, A. J. Forstner, J. Frank, H. A. Gaspar, M. Gill, P. Giusti-Rodriguez, F. S. Goes, S. D. Gordon, J. Grove, L. S. Hall, E. Hannon, C. S. Hansen, T. F. Hansen, S. Herms, I. B. Hickie, P. Hoffmann, G. Homuth, C. Horn, J. J. Hottenga, D. M. Hougaard, M. Hu, C. L. Hyde, M. Ising, R. Jansen, F. Jin, E. Jorgenson, J. A. Knowles, I. S. Kohane, J. Kraft, W. W. Kretzschmar, J. Krogh, Z. Kutalik, J. M. Lane, Y. Li, Y. Li, P. A. Lind, X. Liu, L. Lu, D. J. MacIntyre, D. F. MacKinnon, R. M. Maier, W. Maier, J. Marchini, H. Mbarek, P. McGrath, P. McGuffin, S. E. Medland, D. Mehta, C. M. Middeldorp, E. Mihailov, Y. Milaneschi, L. Milani, J. Mill, F. M. Mondimore, G. W. Montgomery, S. Mostafavi, N. Mullins, M. Nauck, B. Ng, M. G. Nivard, D. R. Nyholt, P. F. O'Reilly, H. Oskarsson, M. J. Owen, J. N. Painter, C. B. Pedersen, M. G. Pedersen, R. E. Peterson, E. Pettersson, W. J. Peyrot, G. Pistis, D. Posthuma, S. M. Purcell, J. A. Quiroz, P. Qvist, J. P. Rice, B. P. Riley, M. Rivera, S. Saeed Mirza, R. Saxena, R. Schoevers, E. C. Schulte, L. Shen, J. Shi, S. I. Shyn, E. Sigurdsson, G. B. C. Sinnamon, J. H. Smit, D. J. Smith, H. Stefansson, S. Steinberg, C. A. Stockmeier, F. Streit, J. Strohmaier, K. E. Tansey, H. Teismann, A. Teumer, W. Thompson, P. A. Thomson, T. E. Thorgeirsson, C. Tian, M. Traylor, J. Treutlein, V. Trubetskoy, A. G. Uitterlinden, D. Umbricht, S. Van der Auwera, A. M. van Hemert, A. Viktorin, P. M. Visscher, Y. Wang, B. T. Webb, S. M. Weinsheimer, J. Wellmann, G. Willemsen, S. H. Witt, Y. Wu, H. S. Xi, J. Yang, F. Zhang, eQtlgen, andMe, V. Arolt, B. T. Baune, K. Berger, D. I. Boomsma, S. Cichon, U. Dannlowski, E. C. J. de Geus, J. R. DePaulo, E. Domenici, K. Domschke, T. Esko, H. J. Grabe, S. P. Hamilton, C. Hayward, A. C. Heath, D. A. Hinds, K. S. Kendler, S. Kloiber, G. Lewis, Q. S. Li, S. Lucae, P. F. A. Madden, P. K. Magnusson, N. G. Martin, A. M. McIntosh, A. Metspalu, O. Mors, P. B. Mortensen, B. Muller-Myhsok, M. Nordentoft, M. M. Nothen, M. C. O'Donovan, S. A. Paciga, N. L. Pedersen, B. Penninx, R. H. Perlis, D. J. Porteous, J. B. Potash, M. Preisig, M. Rietschel, C. Schaefer, T. G. Schulze, J. W. Smoller, K. Stefansson, H. Tiemeier, R. Uher, H. Volzke, M. M. Weissman, T. Werge, A. R. Winslow, C. M. Lewis, D. F. Levinson, G. Breen, A. D. Borglum, P. F. Sullivan and C. Major Depressive Disorder Working Group of the Psychiatric Genomics (2018). "Genome-wide association analyses identify 44 risk variants and refine the genetic architecture of major depression." Nat Genet 50(5): 668-681.

**Paper 5. Mendelian randomisation studies**

Carreras-Torres, R., M. Johansson, P. C. Haycock, C. L. Relton, G. Davey Smith, P. Brennan and R. M. Martin (2018). "Role of obesity in smoking behaviour: Mendelian randomisation study in UK Biobank." BMJ 361: k1767.

**Paper 6. Mendelian randomisation studies**

Dimitrakopoulou, V. I., K. K. Tsilidis, P. C. Haycock, N. L. Dimou, K. Al-Dabhani, R. M. Martin, S. J. Lewis, M. J. Gunter, A. Mondul, I. M. Shui, E. Theodoratou, K. Nimptsch, S. Lindstrom, D. Albanes, T. Kuhn, T. J. Key, R. C. Travis, K. S. Vimaleswaran, G. Consortium, P. Consortium, G.-O. Network, P. Kraft, B. L. Pierce and J. M. Schildkraut (2017). "Circulating vitamin D concentration and risk of seven cancers: Mendelian randomisation study." BMJ 359: j4761.

**Paper 7. Gene-environment interaction studies**

Pazoki R, Dehghan A, Evangelou E, Warren H, Gao H, Caulfield M, Elliott P,Tzoulaki I. Genetic Predisposition to High Blood Pressure and Lifestyle Factors: Associations With Midlife Blood Pressure Levels and Cardiovascular Events. Circulation. 2018 Feb 13;137(7):653-661.

**Random paper assignment**

**Group 1 - Paper 5**

**Group 2 – Paper 4**

**Group 3 – Paper 1**

**Group 4 – Paper 6**

**Group 5 – Paper 3**

**Group 6 – Paper 2**

**Group 7 – Paper 7**