

[Inicio](#) > Multitrait genome association analysis identifies new susceptibility genes for human anthropometric variation in the GCAT cohort [Background](#) [Methods](#) [Results](#) [Conclusion](#)

[Multitrait genome association analysis identifies new susceptibility genes for human anthropometric variation in the GCAT cohort](#) [Background](#) [Methods](#) [Results](#) [Conclusion](#)

URL: <http://jmg.bmj.com/lookup/doi/10.1136/jmedgenet-2018-105437>

Authors: [Galván-Femenía, Ivan](#) / [Obón-Santacana, Mireia](#) / [Piñeyro, David](#) / [Guindo-Martínez, Marta](#) / [Duran, Xavier](#) / [Carreras, Anna](#) / [Pluvinet, Raquel](#) / [Velasco, Juan](#) / [Ramos, Laia](#) / [Aussó, Susanna](#) / [Mercader, J](#) / [Puig, Lluís](#) / [Perucho, Manuel](#) / [Torrents, David](#) / [Moreno, Victor](#) / [Sumoy, Lauro](#) / [de Cid, Rafael](#)

Publication: Journal of Medical Genetics

Volume / Pagination: 55 / 765 - 778

Barcelona Supercomputing Center - Centro Nacional de Supercomputación

Source URL (retrieved on 1 Oct 2022 - 11:24): <https://www.bsc.es/es/research-and-development/publications/multitrait-genome-association-analysis-identifies-new>