
JULIA TALEBAN, Samuel Lunenfeld Research Institute

Réduction du biais par bootstrap dans une analyse d'association génétique du temps avant événement

Bien qu'il soit nécessaire de contrôler le taux de faux négatifs dans les études pangénomiques, la sélection de marqueurs génétiques (SNP) avec de petites valeurs-p d'association introduit un biais optimiste dans les valeurs estimées des paramètres. Motivés par une étude sur les complications du diabète, nous élargissons une méthode de rééchantillonnage bootstrap pour les caractères quantitatifs/binaires pour analyser le temps avant la néphropathie dans un modèle de risque proportionnel. Nous évaluons le biais relatif et absolu à l'aide de simulations. Pour les SNP de puissance faible à modérée, les estimations bootstrap sont plus précises que les estimations non corrigées, mais la méthode a tendance à surcorriger lorsque la puissance est élevée. Pour les faux positifs, toutefois, la réduction du biais réduit convenablement les estimations vers zéro.