
HAIYAN YANG, Memorial University of Newfoundland

Modélisation conjointe de la liaison et de l'association génétique

Un modèle conjoint est présenté pour la liaison et l'association génétique à l'intérieur des familles ayant un ancêtre commun éloigné. Ce modèle conjoint est basé sur la vraisemblance, ce qui permet l'inclusion de covariables quantitatives. Pour les traits binaires, un test de score est proposé. L'étude de simulation montre que le test conjoint est plus puissant qu'un test sur la liaison ou l'association seulement où les deux sources de variations sont présentes. De plus, la méthode proposée permet des contre-hypothèses spécifiques, par exemple la significativité de la liaison sachant qu'il n'y a pas d'association.