

---

## Biostatistique – théorie et méthodes II

Présidente: Mireille Schnitzer (Harvard School of Public Health)

---

---

**SAYANTEE JANA**, McMaster University

*Test de trace modéré pour le modèle de courbe de croissance et application au filtrage de gènes dans les données de micropuces de période*

Les tests traditionnels permettant l'analyse de données longitudinales ne sont pas applicables dans les situations de dimensions élevées (où  $n < p$ ). Nous proposons un test modéré à l'aide du modèle de courbe de croissance, qui est utile pour analyser les données longitudinales de dimensions élevées. Des simulations exhaustives ont prouvé que notre test modéré est non biaisé et monotone par rapport à la taille de l'échantillon et à la valeur des paramètres, quelle que soit la covariance. Nous avons illustré l'application de notre méthode de filtrage des gènes aux données de micropuces de période par le biais des données sur le cancer du poumon, avec des mesures prises sur des tissus pulmonaires humains normaux et ayant subi un traitement chimique. Nous avons pu identifier 1 053 (4,7 %) gènes significatifs sur 22 227.

---

**STEFAN KONIGORSKI**, University of Toronto

*Méthode de régression avec données censurées pour tenir compte des effets des médicaments dans l'analyse génétique d'un caractère quantitatif lorsque le traitement dépend du caractère*

Dans certaines études d'observation, le fait de recevoir ou non un traitement dépend de la réponse. Par exemple, l'utilisation de médicaments antihypertenseurs pour abaisser la tension dépend de la mesure de tension de l'individu avant le traitement. Dans une analyse d'association génétique de la tension, il est essentiel d'ajuster la tension en fonction de l'effet des médicaments si l'objectif est d'identifier les gènes associés à une tension élevée ou réduite. Une analyse naïve, fondée sur une modélisation de la tension avec le traitement comme simple covariable, induirait un biais dans l'estimation des effets génétiques. Nous proposons une nouvelle méthode fondée sur la régression avec données censurées, en prenant pour hypothèse que la tension réelle sous-jacente d'un individu traité est supérieure à celle observée.

---

**CHEL HEE LEE**, University of Saskatchewan

*Modèle de probabilité imprécise de Poisson tronqué en zéro pour quantifier l'ignorance préalable*

Les estimations de la prévalence fondées sur l'intensité de l'utilisation des services médicaux sont biaisées parce que les zéros ne sont pas observés. Ces zéros peuvent être inclus à l'aide d'un modèle de Poisson tronqué en zéro. Nous quantifions notre ignorance épistémique en appliquant le paradigme inférentiel de probabilité imprécise de Walley à ce modèle. Nous étudions les a priori normaux et log-normaux en construisant une famille de distributions exponentielles à trois paramètres qui inclut les deux a priori. Enfin, nous présentons une visualisation de la mise à jour comme une translation sur l'espace des hyperparamètres de cette famille des a posteriori et démontrons graphiquement la réduction de l'imprécision.

---

**ZHIHUI (AMY) LIU**, McGill University

*Mesure de la réduction de mortalité annuelle due à un programme de dépistage du cancer : approche par ronde*

Les statistiques sommaires des essais de dépistage du cancer sont d'une utilité limitée pour projeter l'effet de réduction de la mortalité escompté d'un programme de dépistage continu. Pour projeter le moment, la durée et l'amplitude des réductions résultant d'un régime spécifique, nous avons formulé un modèle à trois paramètres, caractérisant l'impact de chaque ronde de dépistage, qui pouvait être adapté aux données de mortalité par année. Nous étendons maintenant ce modèle pour (i) tenir compte des essais avec branche > 1 de dépistage, (ii) combiner des informations provenant d'essais ayant des régimes différents, (iii) tenir compte des régimes spécifiques à l'âge. Nous quantifions la précision de mesure de l'asymptote soutenue dans la courbe de réduction de la mortalité.

---

**MARYAM ZOLGHADR**, University of Gothenburg

*Plan optimal pour expériences de dilution sous contraintes de volume*

Nous développons des méthodes pour concevoir un plan d'expérience de dilution en une étape sous la contrainte de volume maximal disponible pour les applications biomédicales. Nous examinons divers critères d'optimalité basés sur l'information de Fisher dans les contextes bayésien et non bayésien. Il s'avère que le plan optimal est atomique, ce qui signifie que toutes les dilutions devraient être de la même taille. L'approche proposée pour résoudre ce type de problème d'optimisation consiste en une analyse variationnelle des fonctionnelles d'une mesure. L'avantage de cette approche est que les exigences supplémentaires, comme le coût total de l'expérience, peuvent facilement être intégrées dans la fonction cible.