
YUBIN SUNG, University of Guelph

Méthode en deux étapes pour l'analyse d'associations génétiques avec des caractères longitudinaux multiples d'échantillons de sujets apparentés

Nous proposons une procédure en deux étapes pour identifier les effets pléiotropiques sur des caractères longitudinaux multiples dans un ensemble de données familial. Dans un premier temps, nous analysons chaque caractère longitudinal via un modèle à trois niveaux à effets mixtes. Les effets aléatoires au niveau du sujet et de la famille permettent de mesurer les effets génétiques spécifiques au sujet et les corrélations intraclasse entre sujets au sein de la famille, respectivement. Dans un second temps, nous effectuons un test d'association simultané entre un polymorphisme du nucléotide simple (ou SNP) et tous les effets spécifiques au sujet pour de multiples caractères longitudinaux. Nous réalisons ces opérations à l'aide d'une méthode de scoring de la quasi-vraisemblance dans laquelle la structure des corrélations entre sujets apparentés est ajustée.