

Małgorzata Bogdan

Instytut Matematyczny Uniwersytetu Wrocławskiego

Identyfikacja istotnych genów w obecności efektów poligenicznych

Statystyczna lokalizacja istotnych genów polega zwykle na dopasowaniu modelu regresji liniowej wielorakiej, wiążącego genotypy markerów genetycznych z analizowaną cechą.

Metoda ta zwraca poprawne wyniki, jeżeli tylko niewielka liczba genów oddziałuje na badaną cechę. W przeciwnym wypadku metody oparte na klasycznej regresji wielorakiej zwykle zwracają błędny ranking genów, co prowadzi do małej mocy detekcji istotnych genów i dużej liczby tzw. fałszywych odkryć. Standardowe rozwiązanie polega na zastosowaniu tzw. modelu mieszanego z efektem losowym, podsumowującym łączny efekt bardzo wielu „słabych genów”. Zwykle zakłada się, że efekt losowy pochodzi z rozkładu normalnego z zerową wartością oczekiwaną. W czasie wykładu zaprezentujemy nowe rozwiązanie, w którym nieznana wartość oczekiwana efektu losowego może być różna od zera i jest jednym z estymowanych parametrów. Zaprezentujemy obszernie wyniki badań symulacyjnych i analizę danych rzeczywistych, gdzie zilustrujemy niepożądane zjawiska i porównamy różne metody lokalizacji genów.

Jest to praca wspólna z P. Szulcem z Uniwersytetu Wrocławskiego, J. Wallinem z Uniwersytetu w Lund, D. Siegmundem z Uniwersytetu Stanforda i R.W. Doerge z Uniwersytetu Carnegie-Mellon.