

## Projet approuvé par l'ÉLCV

### **Demandeur**

Dre Shelley Bull, Institut de recherche Lunenfeld-Tanenbaum

### **Adresse courriel**

bull@lunenfeld.ca

### **Titre du projet**

Méthodes d'analyse par région pour les études d'association pangénomique

### **Résumé du projet**

Les études d'association pangénomique visent à détecter l'association statistique entre la variation des polymorphismes mononucléotidiques et des traits complexes tels que la physiologie ou la présence de maladie. Des découvertes issues d'études d'association pangénomique ont permis de démontrer que de nombreux loci contribuent à la variation génétique sous-jacente aux différences dans les traits des individus d'une population. Dans cette étude, nous nous concentrons sur le développement d'une approche basée sur une région (définie par des ensembles de polymorphismes mononucléotidiques physiquement contigus, y compris des polymorphismes mononucléotidiques intergéniques) pour tester le génome entier de manière exhaustive et découvrir de nouvelles régions. Comparée à l'analyse des polymorphismes mononucléotidiques, l'analyse par région réduit le besoin de multiplier les tests, est plus affinée pour déceler les différences de population et est plus sensible aux architectures génétiques complexes. Nous évaluerons l'efficacité et les propriétés des nouvelles méthodes à l'aide d'études de simulation statistique basées sur les données de l'ÉLCV. Nous appliquerons les méthodes d'analyse aux caractères quantitatifs de l'ÉLCV et comparerons les résultats avec ceux de l'analyse de polymorphismes mononucléotidiques.

### **Mots clés**

Génétique statistique, traits complexes, cartographie fine