

---

# Prise en compte de la dépendance en études d'association pangénomiques

Florian Hébert<sup>\*1</sup>, Mathieu Emily<sup>2,3</sup>, and David Causeur<sup>4</sup>

<sup>1</sup>AGROCAMPUS OUEST, Institut de Recherche Mathématique de Rennes – CNRS-Université de  
Rennes1 : UMR6625 – France

<sup>2</sup>Institut de Recherche Mathématique de Rennes (IRMAR) – CNRS : UMR6625 – France

<sup>3</sup>Agrocampus Ouest – Ministère de l'Agriculture, de l'Agroalimentaire et de la Forêt, Institut supérieur  
des sciences agronomiques, agroalimentaires, horticolas et du paysage – Centre de Rennes 65, rue de St  
Brieuc - CS 84215 - 35042 Rennes cedex, France

<sup>4</sup>AGROCAMPUS OUEST, Institut de Recherche Mathématique de Rennes – CNRS-Université de  
Rennes1 : UMR6625 – Rennes, France

## Résumé

Dans le domaine de l'épidémiologie génétique, les études d'association pangénomiques cas-témoins visent à identifier les marqueurs génétiques d'une maladie. Les approches les plus courantes, dites simple marqueur, consistent à tester séparément l'association entre chaque marqueur et la présence/absence de la maladie, ce qui impose des précautions contre le risque de faux positifs conduisant souvent à des règles d'identification très conservatives. Lorsque l'on soupçonne que le signal d'association est faible, par exemple dans la recherche de variants rares, il est souvent plus efficace de chercher à identifier une région génétique d'intérêt plutôt que des marqueurs isolés. Ce type d'approche pose la question du choix de la méthode d'agrégation des statistiques de test individuelles au sein d'une région. Nous montrons que le meilleur choix dépend à la fois de la répartition spatiale du support du signal d'association et de celle des corrélations entre statistiques de test individuelles au sein de la région étudiée.

---

\*Intervenant