



STATISTISK GENETIK

FMS160

Statistical Genetics

Antal poäng: 3. **Betygskala:** TH. **Obligatorisk för:** Pi4XBi. **Kursansvarig:** Studierektor Tobias Rydén, tobias@maths.lth.se, Matematisk statistik. **Rekommenderade förkunskaper:** En grundkurs i matematisk statistik. **Prestationsbedömning:** Skriftlig tentamen. För slutbetyg fordras godkända laborationer.

Mål

Att studenterna på ett såväl teoretiskt som praktiskt sätt ska lära sig att hantera några av de mest grundläggande statistiska metoderna inom genetisk forskning.

Innehåll

Kopplingsanalys är en beprövad metod som går ut på att korrelationen mellan nedärvning av fenotyp (läs sjukdom) och DNA-markörer analyseras. DNA-markörerna kan t ex vara långa variabla repetitiva DNA-sekvenser (mikrosatellitmarkörer) eller korta så kallade SNP:s (single nucleotide polymorphisms). I idealsituationen finner man att alla sjuka individer i ett släkträd har ärvt såväl sjukdomen som en specifik markörallel från en gemensam anfader medan friska besläktade individer saknar allelen ifråga (perfekt koppling). I kursen diskuteras design av kopplingsstudier, lämpliga korrelationsmått och analysstrategier (parametrisk eller icke-parametrisk analys), lämplig utfallsvariabel (binär eller kontinuerlig) samt fördelar och nackdelar med olika strategier. Vidare kommer flera varianter av associationsstudier att diskuteras, såväl familjebaserade som traditionella fall-kontroll-studier. Möjlighet kommer att ges att prova på något eller några av de programpaket som utvecklats speciellt för denna typ av metoder.

Litteratur

Almgren, P, Bendahl, P-O, Bengtsson, H, Hössjer, O & Perfekt, R: Statistics in Genetics. Lecture Notes, Lund 2003.