



## STATISTISK GENETIK

FMS160

### Statistical Genetics

**Antal poäng:** 3. **Betygskala:** TH. **Obligatorisk för:** Pi4XBi. **Kursansvarig:** Studierektor Anna Lindgren, [anna@maths.lth.se](mailto:anna@maths.lth.se), Matematisk statistik. **Rekommenderade förkunskaper:** En grundkurs i matematisk statistik samt någon kurs i stokastiska processer. **Prestationsbedömning:** Skriftlig tentamen. För slutbetyg fordras godkända laborationer. **Hemsida:** <http://www.maths.lth.se/matstat/kurser/fms160mas235/>.

### 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.