

NICHT-PARAMETRISCHE HE-REGRESSION – ERSTE ANSÄTZE MITTELS MULTIPLER KONTRASTTESTS

Daniel Gerhard
Leibniz Universität Hannover

Um Kopplung zwischen einem quantitativen Merkmal und einem Locus in Geschwisterpaar-Studien nachzuweisen, wird bei der klassischen Haseman-Elston Regression ein einfacher t-Test auf den Anstieg der Regressionsgeraden zwischen der quadrierten Differenz der Geschwisterpaar-Phänotypen und der Anzahl der Allele *identity-by-descent* (im einfachen Fall IBD 0, IBD 1 und IBD 2) durchgeführt. Diese Methode ist äquivalent zu einem linearen Kontrasttest, unter der Alternative $H_A^{add} : \mu_{IBD0} > \mu_{IBD1} > \mu_{IBD2}$, welcher durch eine zusätzliche Alternative $H_A^{dom} : \mu_{IBD0} = \mu_{IBD1} > \mu_{IBD2}$, ergänzt werden kann, um eine höhere Power bei Anwesenheit von Dominanzeffekten zu erreichen. Anstatt eines multiplen Kontrasttest ist hier auch die Modellselektion unter Ordnungsrestriktion nach Anraku (1999) möglich.

Bei Verletzung der Normalverteilungsannahme für die betrachteten Merkmale, kann der Ansatz über multiple Kontrasttests auf bereits vorhandene nicht-parametrische Methoden übertragen werden. Da bei Kopplung Unterschiede zwischen den IBD-Gruppen hinsichtlich Lokation und Dispersion auftreten, ist es möglich, durch eine Verknüpfung von location- und scale-Tests die Power gegenüber den Einzeltests zu erhöhen (Kim et al. 2006).

Mehrere nicht-parametrische Tests für location-scale Alternativen werden per Simulation miteinander verglichen. Dabei wird das additive genetische Modell, sowie der Einfluss von Dominanzeffekten detailliert betrachtet.

References:

- Anraku, K: An information criterion for parameters under a simple order restriction. *Biometrika* 1999; 86:141-152.
- Brandt A: Trendtests für location-scale Alternativen. Dissertation 1996. Universität Hannover.
- Haseman JK, Elston RC: The investigation of linkage between a quantitative trait and a marker locus. *Behavior Genetics* 1972; 2:3-19.
- Kim MK, Hong YJ, Song HH: Nonparametric trend statistic incorporating dispersion differences in sib pair linkage for quantitative traits. *Human Heredity* 2006; 62:1-11.