
Analyse de la spécificité des associations génétiques dans les études multi-population

Jeong Hwan Ko^{*1}, Nathalie Vialaneix¹, and Andrea Rau²

¹Unité de Mathématiques et Informatique Appliquées de Toulouse – Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement : UR0875, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement – France

²Génétique Animale et Biologie Intégrative – AgroParisTech, Université Paris-Saclay, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement, Institut National de Recherche pour l’Agriculture, l’Alimentation et l’Environnement : UMR1313 – France

Résumé

Les études d’association génomique (GWAS) sont un outil essentiel pour comprendre la relation entre les variants génétiques et les phénotypes complexes dans les populations humaines ainsi que dans les espèces agricoles. La structuration de population pour les animaux d’élevage est la conséquence des forces évolutives mais également d’une forte sélection anthropique, conduisant à des races hautement spécialisées répondant à divers besoins. Cette forte structuration génétique doit être correctement prise en compte dans un GWAS pour éviter la détection de faux positifs. À ce jour, peu d’études ont évalué l’impact conjoint d’une forte structuration multi-population et du choix du modèle sur les résultats d’un GWAS. Pour combler ce manque, nous considérons le cas d’un GWAS dans trois races porcines pour l’expression d’un seul gène, *HUS1*, en utilisant les données de séquençage en génome entier du chromosome 18. Nous avons spécifiquement évalué l’impact du choix d’un modèle linéaire en utilisant un modèle avec ou sans un effet fixe de race et/ou effet aléatoire lié à l’apparentement génétique des animaux. Nous étudions alors le nombre et la similarité des associations détectées. Également, nous avons étudié l’impact des fréquences alléliques spécifiques à une race sur des associations génétiques globales ou spécifiques à une race. Comme attendu dans ce contexte, nos résultats privilégient l’utilisation du modèle linéaire mixte classique qui utilise l’apparentement comme effet aléatoire. Nos résultats soulignent également la nécessité de développer de nouveaux modèles mieux capables de distinguer les associations génétiques spécifiques à une population de celles partagées par plusieurs populations.

Mots-Clés: Multi, population, association génétique, modèle linéaire mixte

*Intervenant