

十一、研究計畫中英文摘要：請就本計畫要點作一概述，並依本計畫性質自訂關鍵詞。

(一) 計畫中文摘要。(五百字以內)

隨著實驗室技術演進，染色體上大量的標識基因 (如 SNP) 已可被獲取，故探討疾病和特定候選基因 (candidate gene) 之間的相關分析被視為是有助於精細定位基因位置的方法之一。例如以家庭為基礎的研究設計所建立的傳遞不平衡檢定 (TDT) 即被廣泛應用在全基因搜尋。當研究的複雜疾病所測量的是個體數量性狀 (quantitative traits)，現有文獻上以 TDT 為基礎分析數量性狀的方法不在少數，但這些方法，由於沒有考慮遺傳模式對檢定的影響，其統計量的檢定力在不同情況下，會受到不同程度的干擾。由於疾病或數量性狀的遺傳模式通常未知，因此要進行數量性狀與候選基因之相關性研究，有必要提供一個適用於各種遺傳模式的穩健檢定方法。本研究將以核心家庭資料為基礎，分析數量性狀與候選基因之相關性，計畫主要工作包含推導此相關檢定的穩健型式檢定統計量。研究並將分析個體環境因子的影響。預期本研究所提檢定方法在各種不同遺傳模式下，皆能有相對良好的檢定力及穩定性。

關鍵詞：數量性狀、指數族、遺傳模式、穩健性、相關檢定