



Biomarqueurs de base : départ et 1^{er} suivi

| | Catégorie | N* | Biomarqueurs |
|---------------------------------|---|---------|---|
| Départ et 1 ^{er} suivi | HÉMATOLOGIE Sites de collecte de données | 25 427 | <ul style="list-style-type: none"> Érythrocytes Granulocytes Hématocrite Hémoglobine Lymphocytes Plaquettes MCV MCH MCHC MPV RBC RDW |
| | CHIMIE Services de laboratoire de Calgary (Analyses répétées chaque 3 ans) | 27 012 | <ul style="list-style-type: none"> Albumine Alanine aminotransférase (ALT) Protéine C-réactive (CRP) Créatinine Cholestérol Ferritine T4 libre Hémoglobine A1c (n = 26961) HDL LDL Non-HDL Thyréostimuline (TSH) Triglycerides 25-hydroxyvitamine D eGFR |
| 1 ^{er} suivi | CHIMIE | ~22 900 | <ul style="list-style-type: none"> High-Sensitivity Troponin T (hsTnT) NT-proBNP |
| Départ seulement | CHIMIE | ~9 500 | <ul style="list-style-type: none"> IL-6 TNF-alpha |
| | GÉNÉTIQUE Centre de génétique et d'épigénétique | 26 622 | <ul style="list-style-type: none"> Génotypage (puce Axiom d'Affymetrix, 794k SNP) Imputation (Consortium de référence Haplotype, diffusion 1.1, 39.2M SNP) |
| | ÉPIGENETIQUE Centre d'épigénétique | 1 479 | <ul style="list-style-type: none"> Méthylation de l'ADN Extrait d'ADN de cellules mononucléées de sang périphérique Puce 850K Infinium MethylationEPIC BeadChip (Illumina) |
| | MÉTABOLOMIQUE Metabolon | ~9 500 | <ul style="list-style-type: none"> Systèmes LC-MS/MS ~1 300 métabolites |

*N = nombre de participant-es à la vague de départ uniquement. Les biomarqueurs du 2^e suivi ne sont pas encore disponibles.