

**Objectif** : Approfondir les connaissances sur les mesures du déséquilibre de liaison (DL)

**Méthode** : Analyse (avec R) de données génomiques pour une région du chromosome 17 de deux populations de vigne, la population TE pour “raisin de table à l'est” et la population SA pour “sauvages”.

- > installer et charger les packages LDheatmap, LDcorSV, genetics
- > charger le fichier HW.R et transform.R
- > lire les 4 fichiers de données

Combien d'individus dans la population TE, et dans SA, combien de marqueurs ? Quel est l'apparement moyen des deux populations ?

### **Travail avec la population SA**

#### **Calcul du $r^2$ entre deux loci**

Considérer les loci 1 et 3 de la population SA : combien de données manquantes ? Calculer la mesure  $r^2$  pour ces deux locus.

- > Retrouver cette valeur en utilisant le package LDcorSV, ainsi que les informations de MAF.

#### **Heatmap du DL**

> Utiliser la fonction transform() pour mettre vos données au format voulu par LDheatmap (**utiliser un autre objet pour conserver vos données au format voulu par LdcorSV**).

> La localisation (enbp) des marqueurs sur le chromosome se trouve après le signe “\_” de leur nom, en utilisant la fonction position() qui extrait la valeur après ce signe, construire la carte de marqueurs.

> Construire la heatmap pour la mesure  $r^2$  avec le package LDheatmap (**garder ce plot**).

> Utiliser LDcorSV pour calculer d'autres mesures.

> Utiliser la fonction rempli.matrice() sur la mesure corrigée de l'apparement  $r_{2v}$  pour créer la structure voulue par LDheatmap.

> Construire la heatmap de la mesure corrigée de l'apparement.

**Comparer la avec celle obtenue pour  $r^2$ , en terme de valeur du DL et de structure dans la figure ?**

#### **Etendu du DL**

> Réutiliser la fonction position() pour calculer la position de \$loc1 et \$loc2 de la sortie de LDcorSV, puis calculer la distance séparant les deux loci.

> Dessiner le  $r^2$  et  $r_{2v}$  en fonction de la distance.

> Ajuster un courbe de Hill et Weir sur ces deux mesures avec les fonctions HillWeir.est() et HillWeir.cal()

**Quel est l'étendue du DL pour un DL de 0.1 ? Qu'a produit la correction par l'apparement ?**

### **Travail avec les deux populations**

> Utiliser la fonction melange.pop() pour créer \$geno \$struct et \$kinship pour les deux populations

> Calculer les différentes mesures du DL avec LDcorSV.

> Faire la heatmap de la mesure  $r^2$  et la mesure corrigée de la structure  $r_{2s}$ .

**Que remarquez vous ? Qu'est qui crée le DL à “longue distance” ?**