

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, contruire 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” ?