

Занятие 2

Популяционная генетика

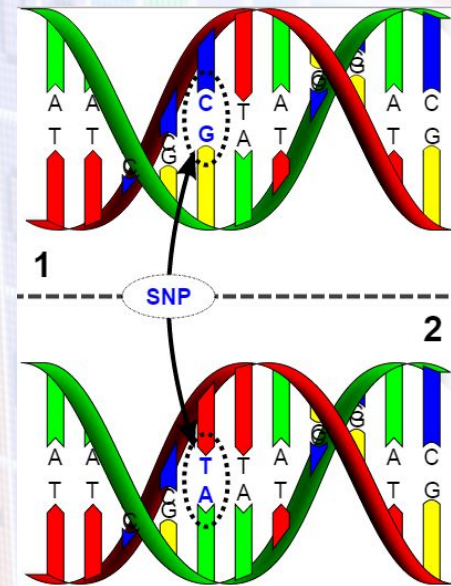
Татьяна Татаринова

Так что же такое GWAS?

Исследование полногеномной ассоциации
Ищем SNP...
связанный с фенотипом.

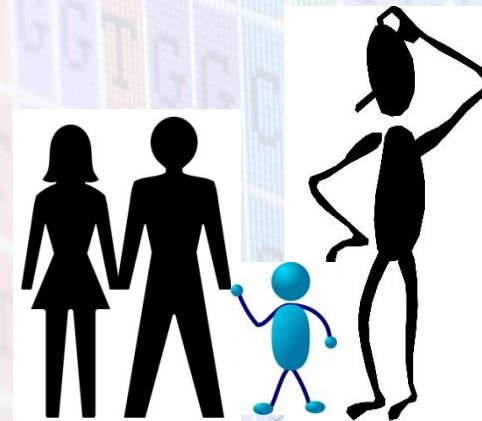
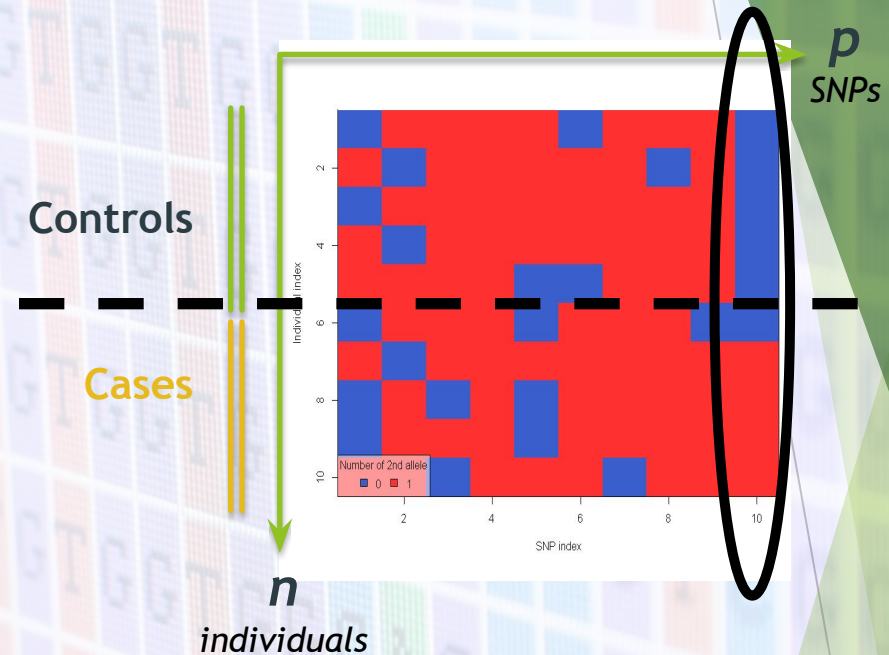
Цель:

Объяснять
Понимание
Механизмы
Терапия
Предсказывать
Вмешательство
Профилактика



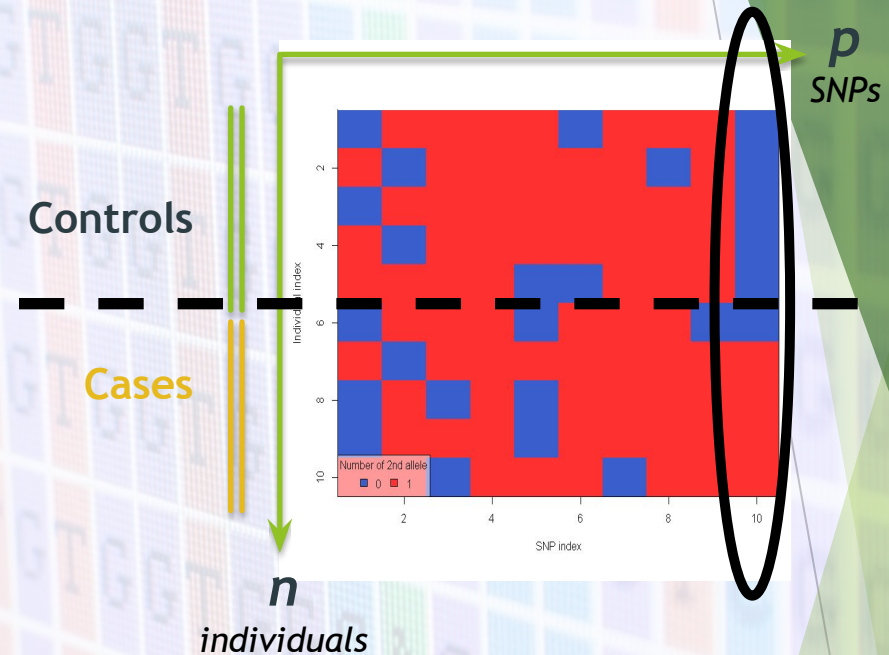
Ассоциация

- ▶ Определение
- ▶ Любая связь между двумя измеренными величинами, которая делает их статистически зависимыми.
- ▶ Наследственность
- ▶ Доля дисперсии, объясняемая генетикой
- ▶ $P = G + E + G * E$
- ▶ Наследственность > 0



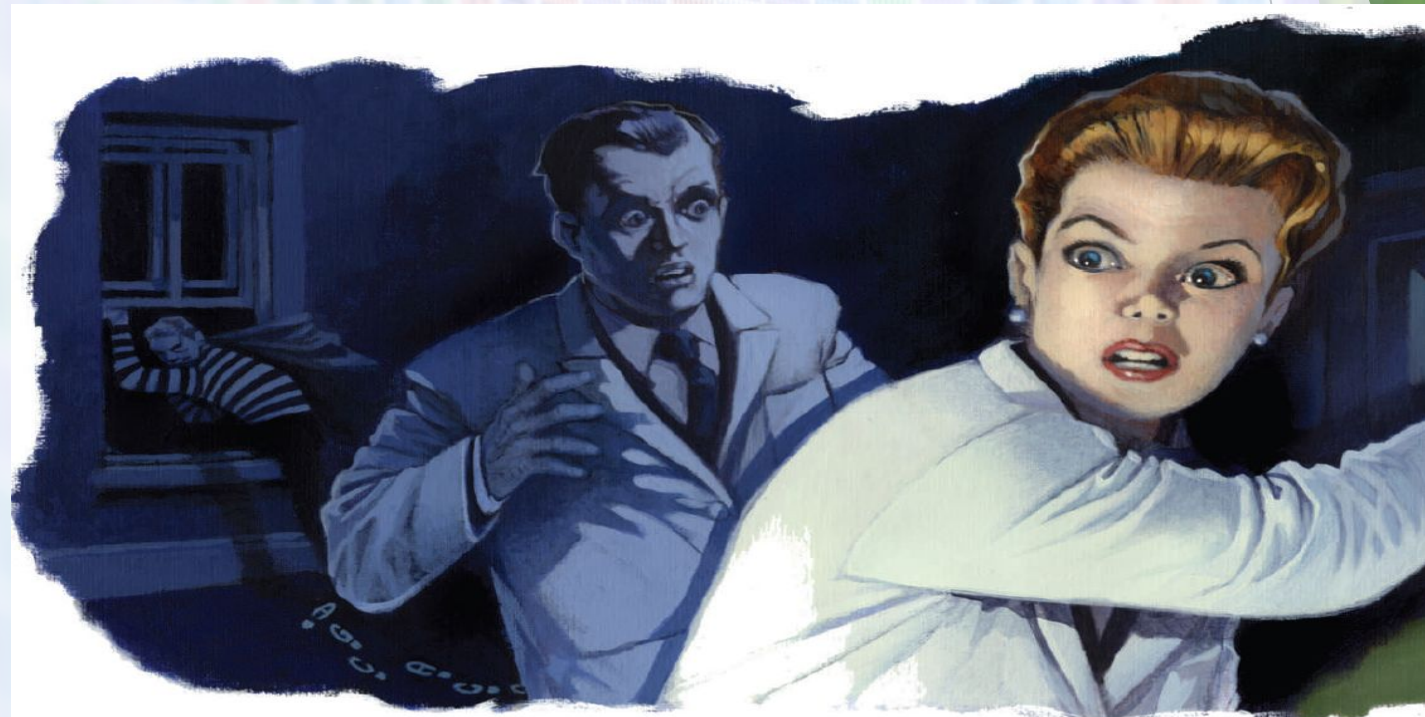
Ассоциация

- ▶ Определение
- ▶ Любая связь между двумя измеренными величинами, которая делает их статистически зависимыми.
- ▶ Наследственность
- ▶ Доля дисперсии, объясняемая генетикой
- ▶ $P = G + E + G * E$
- ▶ Наследственность > 0



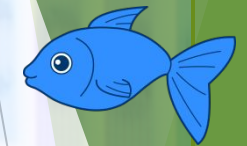
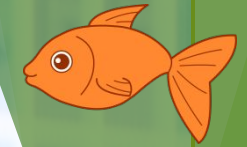
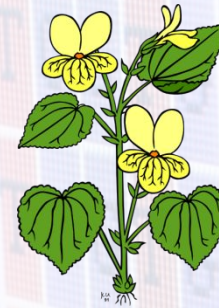
Почему?

Окружающая среда, взаимодействие генов и окружающей среды
Сложные черты, небольшие эффекты, редкие варианты
Уровни экспрессии генов
Методология GWAS?

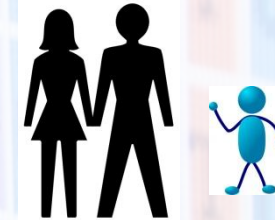


The case of the missing heritability

Дизайн GWAS



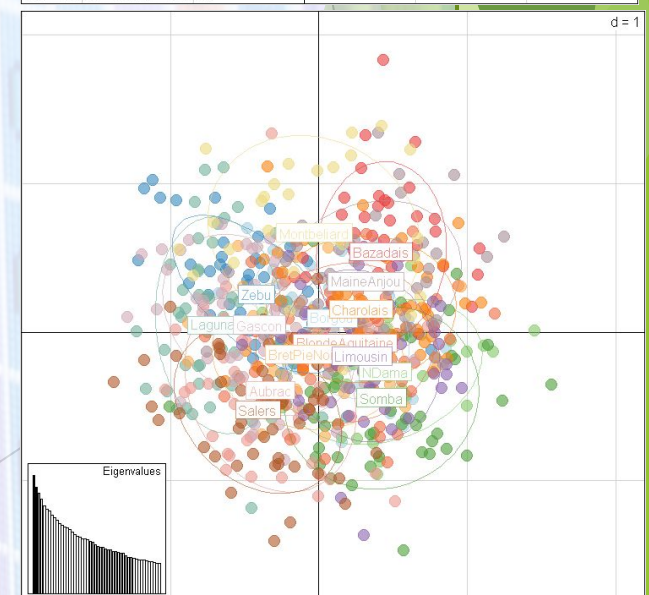
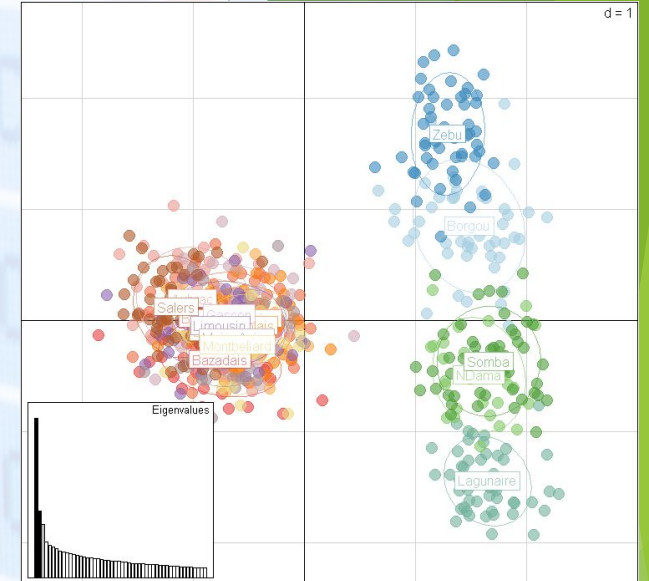
- ▶ Кейс-контроль
- ▶ Четко определенный «случай»
- ▶ Известная наследственность
- ▶ Вариации
- ▶ Количественные фенотипические данные
- ▶ Например: Рост, концентрация биомаркеров
- ▶ Явные модели
- ▶ Например. Доминантный или рецессивный



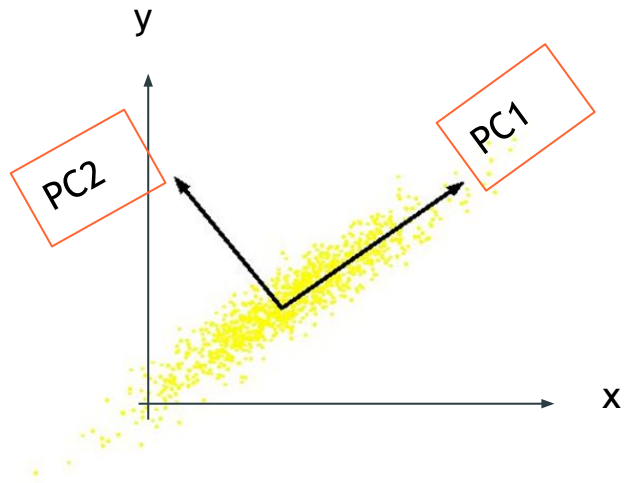
Стратификация населения II

Процесс

- ▶ Визуализация
 - ▶ Филогенетика
 - ▶ PCA
- ▶ Коррекция данных
 - ▶ Геномный контроль
 - ▶ Регрессия по основным компонентам PCA



Что же там, в наших данных? Применим PCA - Метод главных компонент Для начала рассмотрим простые примеры



Метод основных компонент - подбор новой системы координат, которая позволяет описать наши многомерные данные меньшим количеством переменных.

Почему это возможно: многие из измерений зависят друг от друга. Например, у вас есть данные о легковых машинах, и расход бензина указан как в милях на галлон, так и в километрах на литр. Корреляция в этом случае идеальная.

Поэтому на первом шаге PCA считается матрица корреляций. Потом для этой матрицы вычисляются собственные вектора и собственные значения (линейная алгебра!). Собственный вектор, соответствующий наибольшему собственному значению совпадает с направлением наибольшего изменения.

Новая ось PC1 соответствует направлению наибольшего изменения в данных.

Пример: планеты Солнечной системы

Планета	Расстояние до солнца	Диаметр	Плотность
Меркурий	0.387	4878	5.42
Венера	0.723	12104	5.25
Земля	1	12756	5.52
Марс	1.524	6787	3.94
Юпитер	5.203	142800	1.314
Сатурн	9.539	120660	0.69
Уран	19.18	51118	1.29
Нептун	30.06	49528	1.64
Плутон	39.53	2300	2.03

Как вы думаете, есть какая корреляция между колонками?



Пример: планеты Солнечной системы

Планета	Расстояние до солнца	Диаметр	Плотность
Меркурий	0.387	4878	5.42
Венера	0.723	12104	5.25
Земля	1	12756	5.52
Марс	1.524	6787	3.94
Юпитер	5.203	142800	1.314
Сатурн	9.539	120660	0.69
Уран	19.18	51118	1.29
Нептун	30.06	49528	1.64
Плутон	39.53	2300	2.03

Корреляция между колонками?

	Расстояние до солнца	Диаметр	Плотность
Расстояние до солнца	1.00	-0.05	-0.59
Диаметр	-0.05	1.00	-0.71
Плотность	-0.59	-0.71	1.00

Три измерения явно излишни

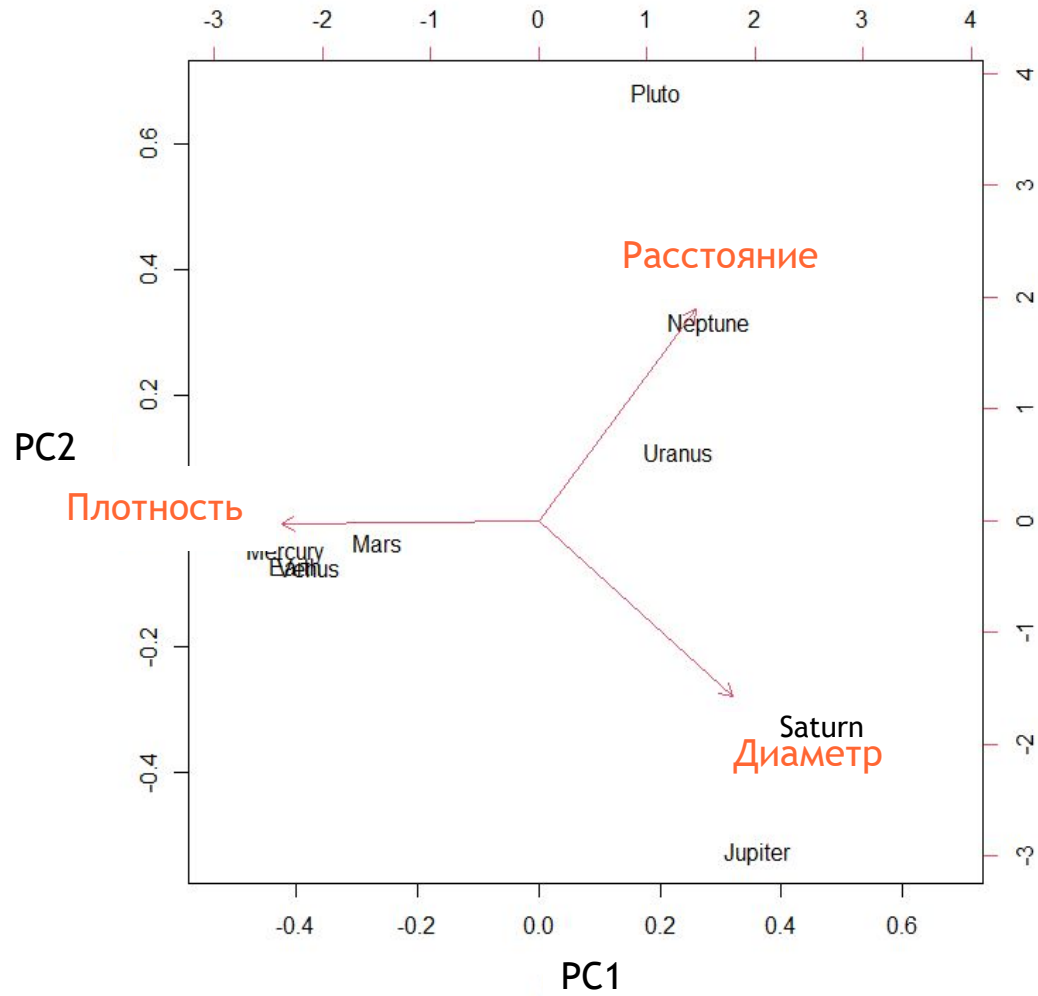
Что показывает PCA?

	PC1	PC2	PC2
Стандартное отклонение	1.379158	1.024481	0.219917
Пропорция дисперсии на компоненту	0.634025	0.349854	0.016121
Совокупная пропорция дисперсии	0.634025	0.983879	1

Сколько компонент оставить? Два подхода

1. Все со стандартными отклонениями больше 1
2. Совокупная пропорция дисперсии больше 0.9

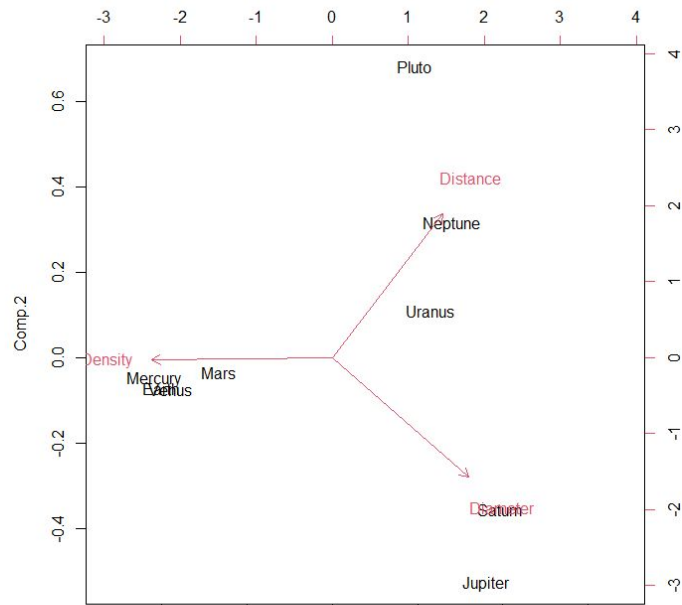
Результаты



	PC1	PC2	PC2
Расстояние	0.44	0.769	0.463
Диаметр	0.541	-0.639	0.547
Плотность	-0.716		0.698

Эффект нормализации: даем равный шанс разным группам измерений

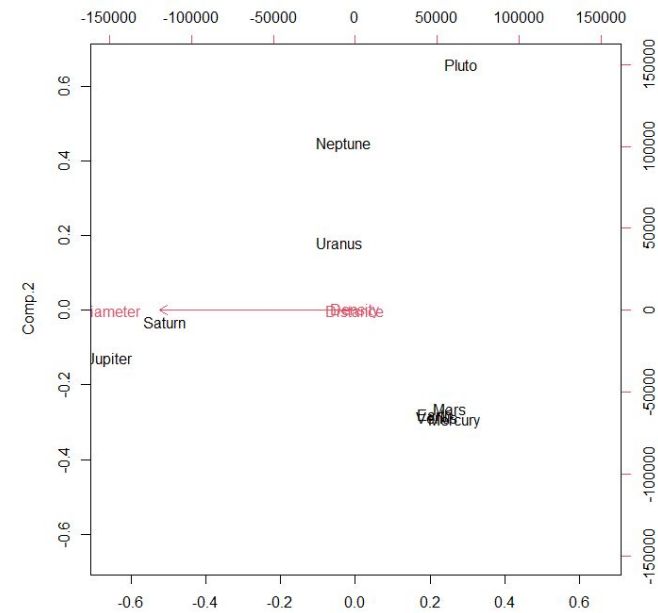
С нормализацией 2 компоненты



	PC1	PC2	PC2
Стандартное отклонение	1.38	1.02	0.22
Пропорция дисперсии	0.63	0.35	0.02
Совокупная пропорция	0.63	0.98	1.00

	PC1	PC2	PC2
Расстояние	0.44	0.769	0.463
Диаметр	0.541	-0.639	0.547
Плотность	-0.716		0.698

Без нормализации 1 главная компонента



	PC1	PC2	PC2
Стандартное отклонение	49846	13.70	0.58
Пропорция дисперсии	1.00	0.00	0.00
Совокупная пропорция	1.00	1.00	1.00

	PC1	PC2	PC2
Расстояние		0.996	
Диаметр	-1		
Плотность			0.996

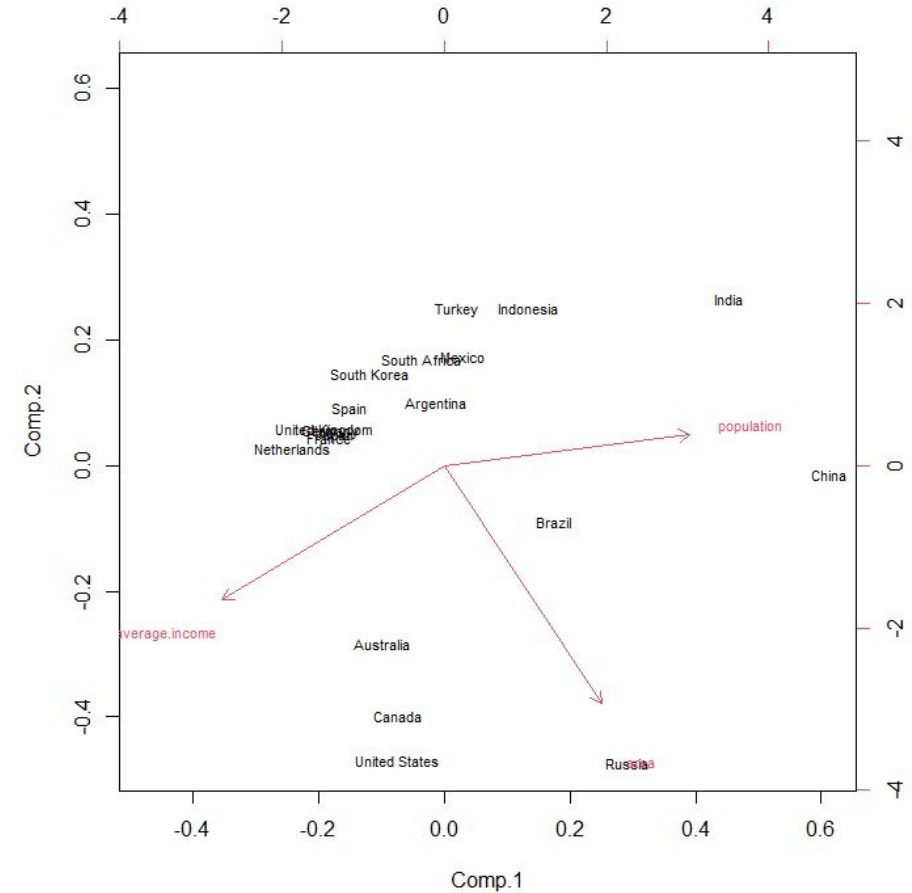
Теперь попробуйте сами

```
# загрузите файл с данными планет
# planets.csv
Planets=read.csv('Planets.csv', row.names = 1); Planets
cor(Planets)
pcaPlanets=princomp(Planets, cor=T)
summary(pcaPlanets)
biplot(pcaPlanets)
loadings(pcaPlanets)
```

Повторим упражнение с данными о странах мира

Данные

Страна	Население, мил	Доход на душу населения, Долл	Площадь, км
United States	292.6	38600	9809431
China	1309	4910	9556100
Japan	127.8	27400	377801
India	1084	2850	3203975
Germany	82.75	26600	356955
United Kingdom	59.77	26700	244101
France	60.09	26500	547026
Italy	57.24	26500	301277
Brazil	183.3	7820	8511996
Russia	144.2	8620	17075400
Mexico	105.8	9170	1967183
Canada	32.09	29500	9970610
Spain	40.97	22400	504750
South Korea	48.02	18800	99016
Indonesia	230.9	3090	1948732
Australia	20.07	27900	7682300
South Africa	45.17	12200	1220662
Turkey	71.54	6800	779452
Netherlands	16.32	29800	41640
Argentina	38.64	12300	2780400



Вопросы:

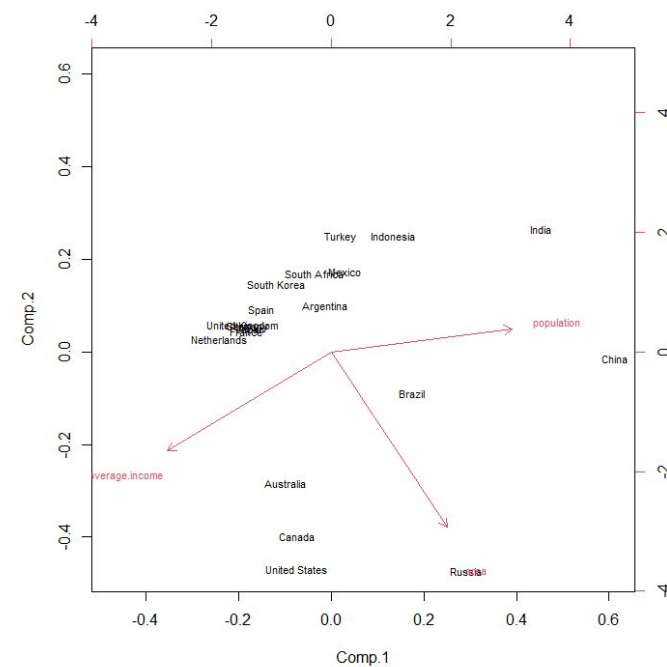
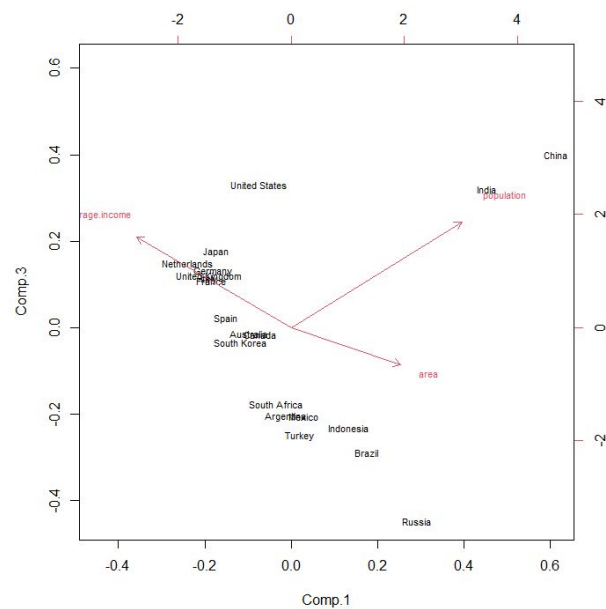
Нужно ли проводить нормализацию?

Сколько главных компонент нужно сохранить?

Результаты

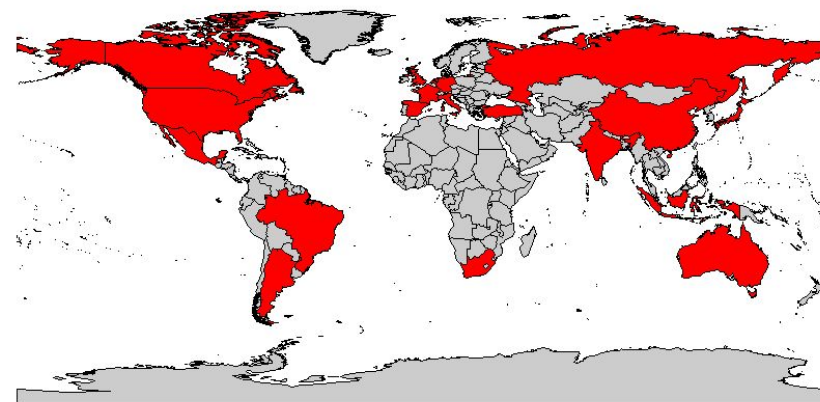
Корреляция	Население	Доход на душу	Площадь
Население	1	-0.46375	0.274766
Доход на душу	-0.46375	1	-0.11911
Площадь	0.274766	-0.11911	1

	PC1	PC2	PC3
Стандартное отклонение	1.263472	0.946988	0.711935
Пропорция дисперсии	0.53212	0.298929	0.168951
Совокупная пропорция	0.53212	0.831049	1



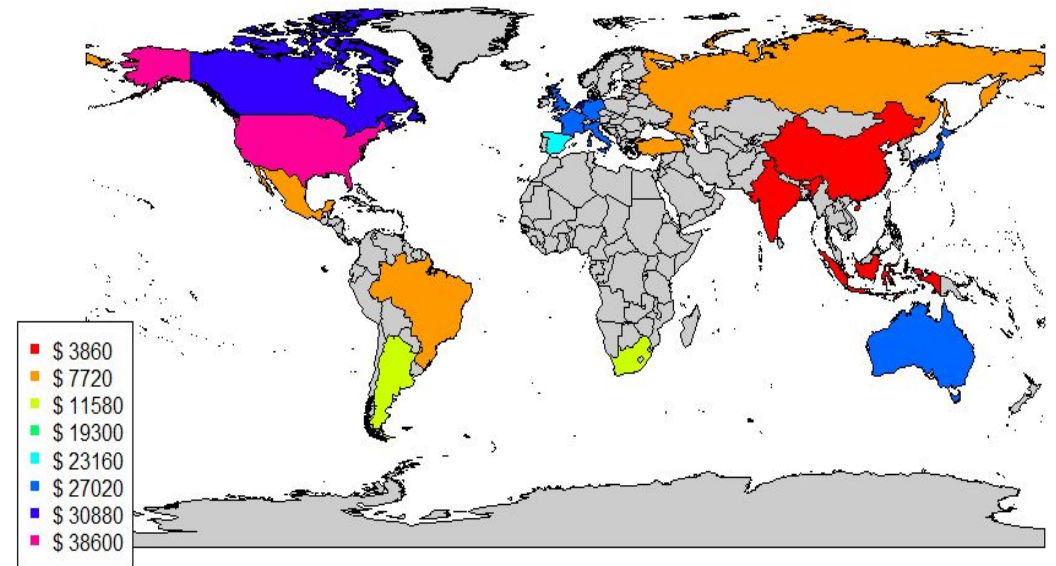
Простая карта

```
install.packages("maptools")  
library(maptools)  
data(wrld_simpl)  
myCountries = wrld_simpl@data$NAME %in% row.names(Countries)  
plot(wrld_simpl, col = c(gray(.80), "red")[myCountries+1])
```



Не совсем простая карта

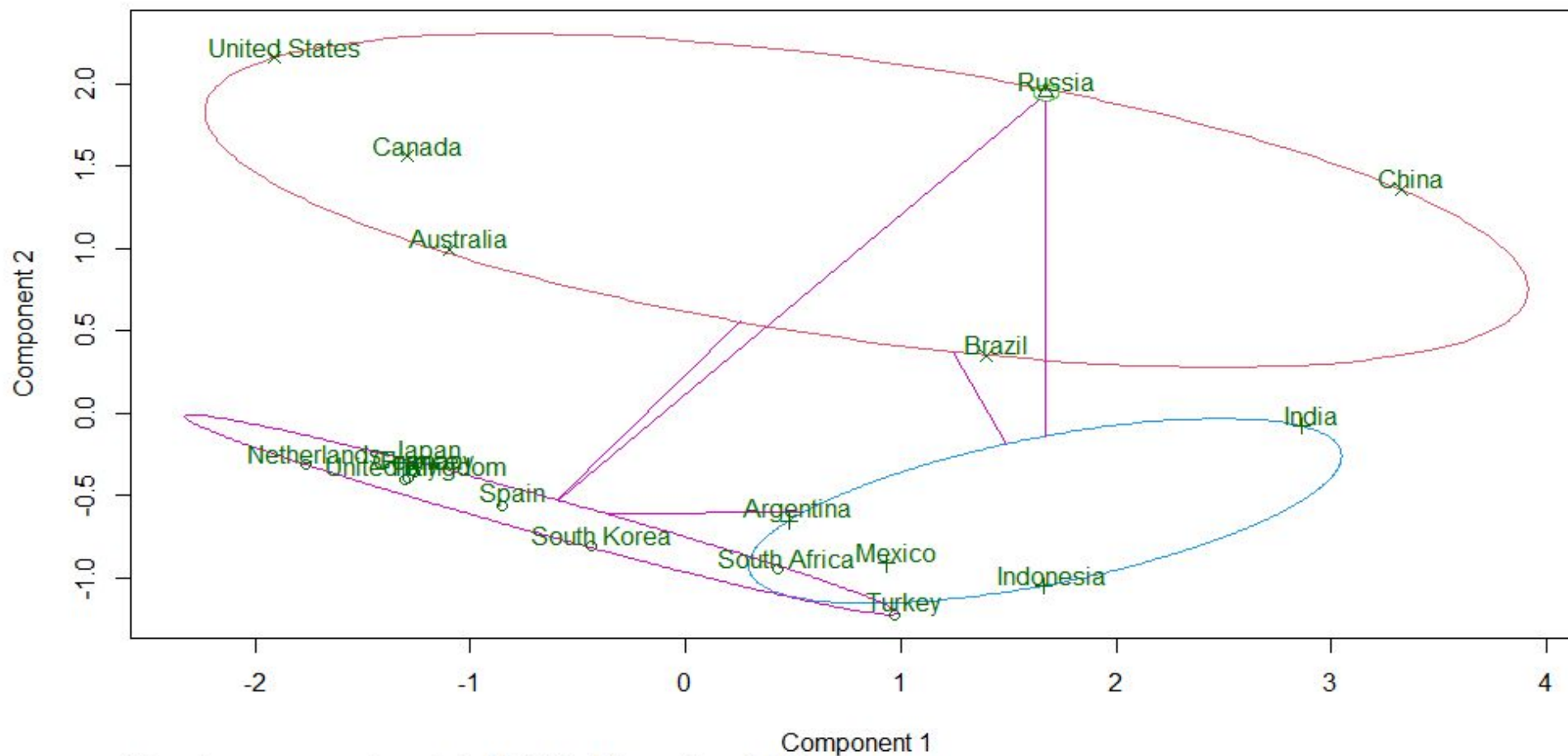
```
MAX_INCOME=max(Countries$average.income)
# добавили колонку
Countries$index=round(10*Countries$average.income/MAX_INCOME); Countries
COL=rainbow(10) # задали цвета
ALL_COUNTRIES=as.data.frame(cbind( as.character(wrld_simpl@data$NAME ), gray(.80)))
head(ALL_COUNTRIES) # создали новый объект
names(ALL_COUNTRIES)=c('Name', "Color")
row.names(ALL_COUNTRIES)=ALL_COUNTRIES$Name
for(i in 1:dim(Countries)[1]){
  ALL_COUNTRIES[row.names(Countries)[i],'Color']=COL[Countries[i,'index']]
}
head(ALL_COUNTRIES)# цвет зависит от дохода
unique(ALL_COUNTRIES$Color)# сколько категорий?
plot(wrld_simpl, col = ALL_COUNTRIES$Color) # нарисовали карту
# добавили легенду
sort(unique(Countries$index))*MAX_INCOME/10, COL[sort(unique(Countries$index))]
legend('bottomleft',
      legend = paste("$",sort(unique(Countries$index))*MAX_INCOME/10),
      col= COL[sort(unique(Countries$index))], pch=15)
```



K-MEANS

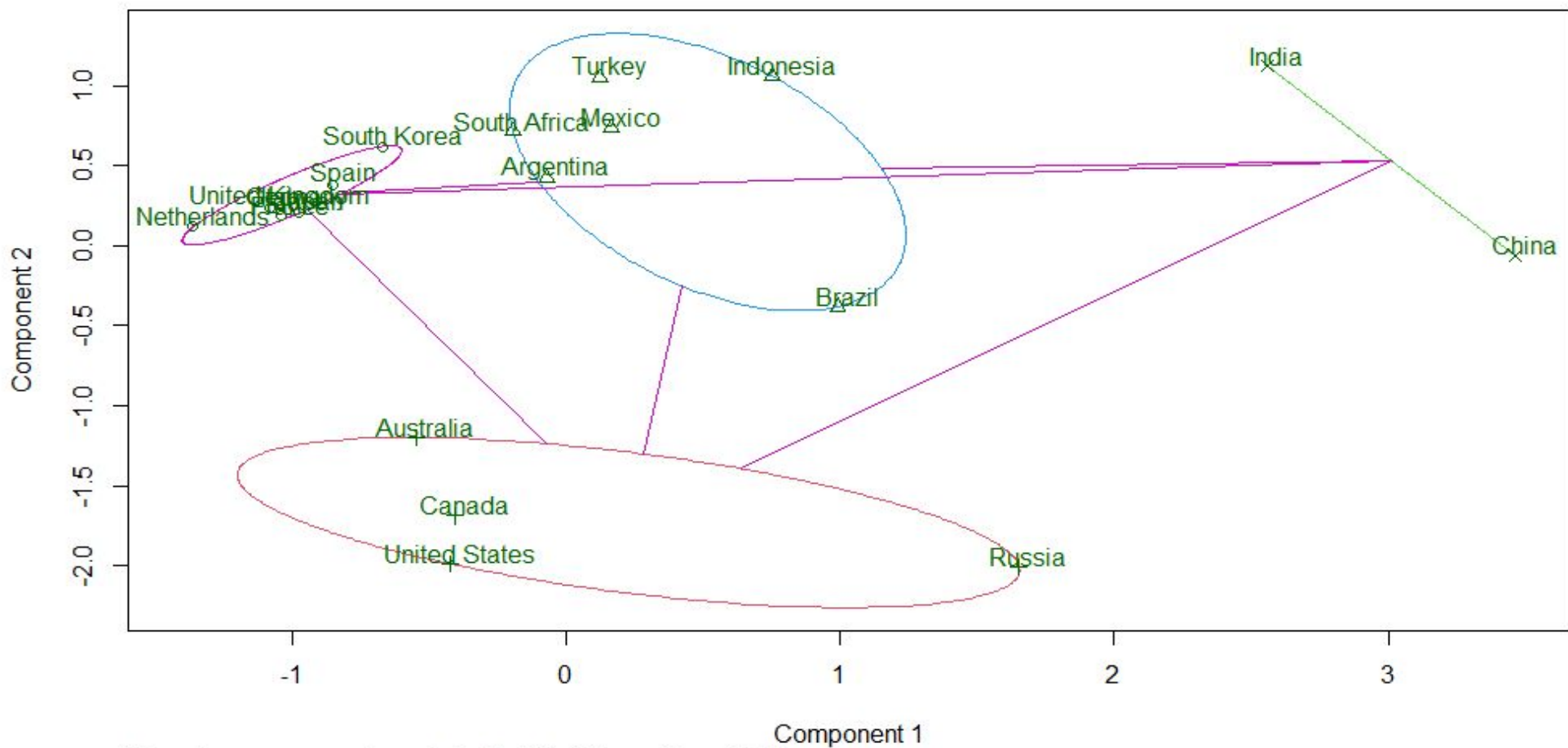
```
install.packages("cluster")  
library(cluster)  
Countries_clusters=kmeans(Countries[,1:3], centers=4, nstart=25)  
clusplot(Countries, Countries_clusters$cluster,labels=3, color=TRUE)  
  
ccs=data.frame(sapply(Countries[,1:3], scale)) ##нормализация  
rownames(ccs)=rownames(Countries)  
Countries_clusters_scaled=kmeans(ccs, centers=4, nstart=25)  
clusplot(ccs, Countries_clusters_scaled$cluster,labels=3, color=TRUE)
```

Сырые данные



These two components explain 84.97 % of the point variability.

Нормализованные данные



These two components explain 83.1 % of the point variability.

Возвращаемся к нуклеотидам

Скачайте данные в вашу рабочую директорию

- ▶ `sativas413.ped`
- ▶ `sativas413.fam`
- ▶ `sativas413.map`
- ▶ `sativas413.pheno`
- ▶ `sativas413.csv`

Библиотеки

```
#install packages
```

```
install.packages(c("poolr", "qqman", "BGLR", "rrBLUP", "DT", "dplyr"))
```

```
install.packages(c("rnaturalearth", 'rnaturalearthdata', 'rgeos', 'ggspatial'))
```

```
devtools::install_github("dkahle/ggmap", ref = "tidyup")
```

```
if (!requireNamespace("BiocManager", quietly = TRUE))
```

```
  install.packages("BiocManager")
```

```
BiocManager::install("SNPRelate")
```

Библиотеки

library(rrBLUP)

library(BGLR)

library(DT)

library(SNPRelate)

library(dplyr)

library(qqman)

library(poolr)

library(OpenStreetMap)

library(rjson)

library(rgdal)

library(RgoogleMaps)

library(mapproj)

library(sf)

library(OpenStreetMap)

library(ggplot2)

library(sf)

library(rnaturalearth)

library(rnaturalearthdata)

Шаг 1. Подготовка данных SNP в R

```
rm (список = ls ())
setwd («# ваш рабочий каталог, содержащий файл»)
Geno<- read_ped ("sativas413.ped")
head(Geno)
# объединяет данные маркерного аллеля в формате 0, 1, 2 и 3; 2 представляет отсутствующие данные
p = Geno$р; p
n = Geno$n; n
Geno = Geno$x; Geno
# Информация о присоединении
FAM <- read.table("sativas413.fam"); head( FAM )
# Информация о положении снипов на геноме
MAP <- read.table("sativas413.map"); head( MAP )
# Перекодировать данные в файл ped
Geno[Geno == 2] <- NA # Преобразование отсутствующих данных в NA
Geno[Geno == 0] <- 0 # Преобразование 0 данных в 0
Geno[Geno == 1] <- 1 # Преобразование 1 в 1
Geno[Geno == 3] <- 2 # Преобразование 3 в 2
# Преобразование данных маркера в матрицу, транспонирование и проверка размера
Geno <- matrix (Geno, nrow = p, ncol = n, byrow = TRUE)
Geno<- t (Geno)
dim(Geno)
```

0	00 Homozygote "1"/"1"
1	01 Heterozygote
2	10 Missing genotype
3	11 Homozygote "2"/"2"

Шаг 2. Считайте данные фенотипа в R

```
## прочитайте фенотип
ris.pheno <- read.table ("sativas413.pheno",
                        header = TRUE, stringsAsFactors = FALSE, sep = "\t")
# Просмотр первых нескольких столбцов и строк данных
ris.pheno [1: 5, 1: 5]
dim( ris.pheno)
# сравнить с фенотипическим файлом
rownames (Geno) <- FAM$V2; head(Geno)
table(rownames (Geno) == ris.pheno$NSFTVID)
# Теперь давайте извлечем первый фенотип припишем его объекту y
y <- matrix (ris.pheno$Flowering.time.at.Arkansas) # использовать первый фенотип
rownames (y) <- ris.pheno$NSFTVID
index<-!is.na (y)
y <- y [index, 1, drop = FALSE] # 374
Geno <- Geno [index,] # 374 x 36901
table(rownames (Geno) == rownames (y))
```

Шаг 3. Фильтрация данных SNP

Мастерская GWAS

Здесь мы будем использовать цикл for, чтобы определить недостающие и преобразовать их в средние значения по столбцам.

```
for (j in 1: ncol (Geno)) {
```

```
  Geno [, j] <- ifelse (is.na (Geno [, j]), mean (Geno [, j], na.rm = TRUE), Geno [, j])
```

```
}
```

Фильтр редких аллелей. Здесь мы будем убирать аллели с частотой <5% и сохранять объект как Geno1

Затем мы сопоставим и отбросим маркеры из файла информации о карте и сохраним его как MAP1

```
p <- colSums (Geno) / (2 * nrow (Geno))
```

```
maf <- ifelse (p > 0.5, 1 - p, p)
```

```
maf.index <- который (maf < 0,05)
```

```
Geno1 <- Geno [, -maf.index]
```

```
dim(Geno1)
```

```
dim(Geno)
```

подмножество на основе сохраненных SNP

```
MAP1 <- MAP [-maf.index,]; dim(MAP1)
```

Шаг 4. Структура популяции

```
# Создать файл геноматрицы и назначить имена строк и столбцов из файлов fam и
mar
Geno1 <- as.matrix (Geno1)
sample<- row.names (Geno1)
length(sample)
colnames(Geno1) <- MAP1 $ V2
snp.id <- colnames (Geno1)
length(snp.id)
snpgdsCreateGeno ("44k.gds", genmat = Geno1, sample.id = sample, snp.id = snp.id,
                 snp.chromosome = MAP1 $ V1, snp.position = MAP1 $ V4, snpfirstdim = FALSE)
# Теперь откройте файл 44k.gds
geno_44k <- snpgdsOpen ("44k.gds")
snpgdsSummary ("44k.gds")
```

Шаг 5. PCA

#PCA анализ

```
pca <- snpgdsPCA (geno_44k, snp.id = colnames (Geno1))
```

график результатов PCA

```
pca <- data.frame (sample.id = row.names (Geno1), EV1 = pca $ eigenvect [, 1], EV2 = pca $ eigenvect [, 2], EV3 = pca $ eigenvect [, 3], EV4 = pca $ eigenvect [, 4], stringsAsFactors = FALSE)
```

```
plot(pca $ EV2, pca $ EV1, xlab = "собственный вектор 3", ylab = "собственный вектор 4")
```

добавить информацию о населении на участок

```
pca_1 <- read.csv ("sativas413.csv", header = TRUE, stringsAsFactors = FALSE)
```

```
pca_2 <- pca_1 [match (pca $ sample.id, pca_1 $ NSFTV.ID),]
```

Извлечь информацию о населении и добавить выходной файл PCA

```
pca_population <- cbind (pca_2 $ Sub.population, pca)
```

```
colnames (pca_population) [1] <- "Population"
```

Постройте и добавьте названия населения

```
plot(pca_population $ EV1, pca_population $ EV2, xlab = "PC1", ylab = "PC2", col = c (1: 6) [factor (pca_population $ Population)])
```

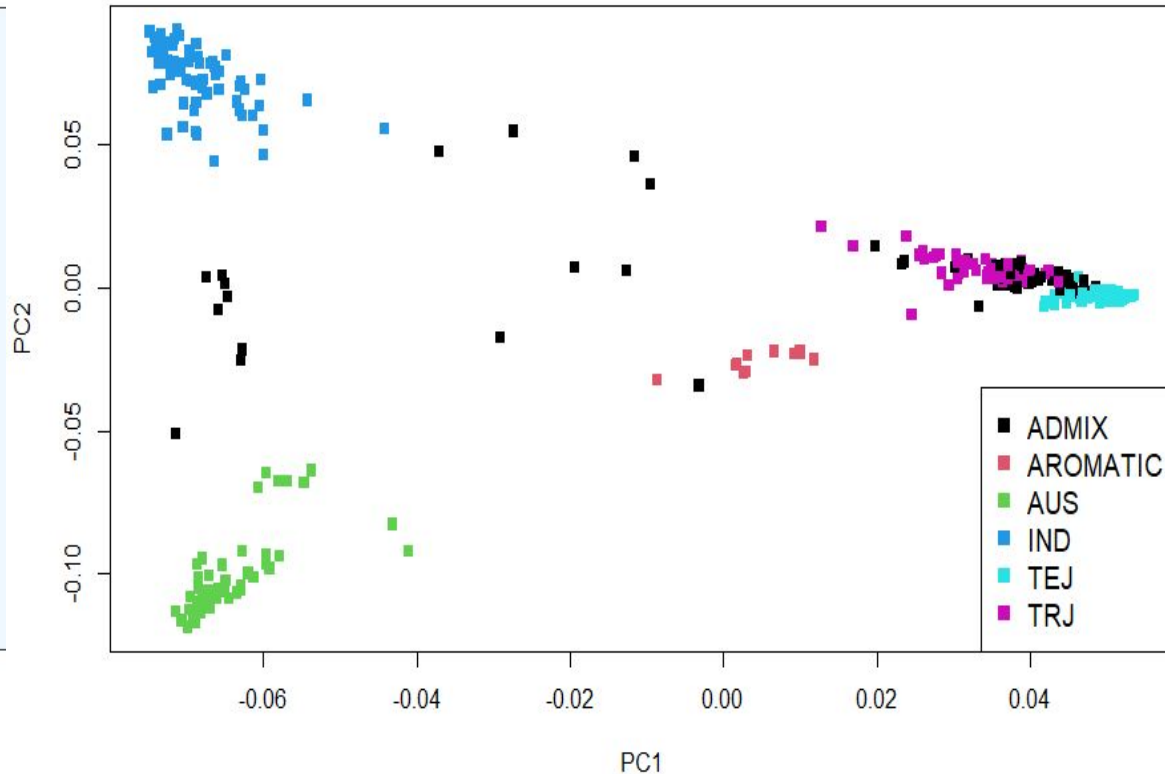
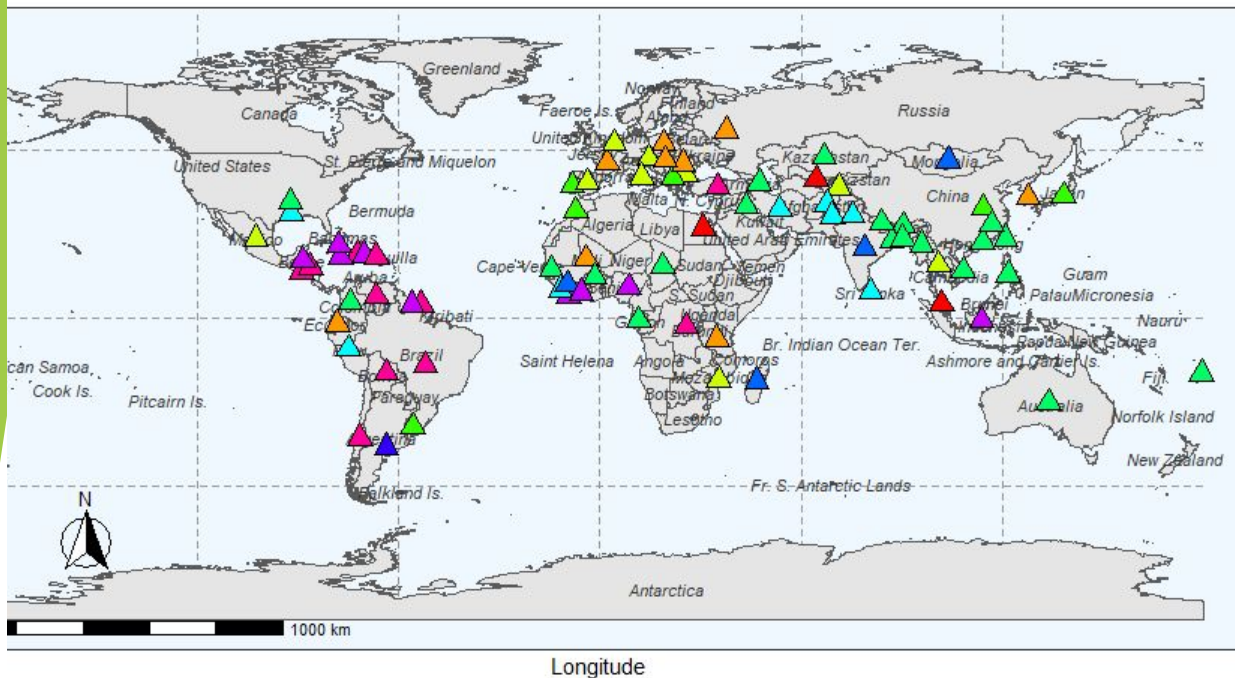
```
legend(x = "right", legend= levels(factor (pca_population $Population)), col = c (1: 6), pch = 1, cex = 0.6)
```

Шаг 5а. Визуализация PCA

```
# Извлечь информацию о местоположении и добавить выходной файл PCA
pca_country <- as.data.frame(cbind(as.numeric(pca$EV1),as.numeric(pca$EV2),as.numeric(pca$EV3),
                                as.numeric(pca$EV4),as.numeric(pca_2$Latitude),
                                as.numeric(pca_2$Longitude)));head(pca_country)

names(pca_country)=c('PC1','PC2','PC3','PC4','LAT','LONG')
names(pca_country)
pca_country=na.omit(pca_country)
# корреляция с географией
cor (pca_country [, 1: 6], use= 'pairwise.complete.obs')
#map
map()
# определить цвета для карты
NCOLS = 1+max (unique (round (50 * (pca_country $ PC1 - min(pca_country $ PC1))))
              NCOLS)
COL = rainbow(NCOLS)
pca_country$ind1=round (50 * (pca_country $ PC1 -min((pca_country $ PC1)))) +1
points(pca_country$LONG,pca_country$LAT, col=COLS[pca_country$ind1], pch=16)
```

map
ountries)

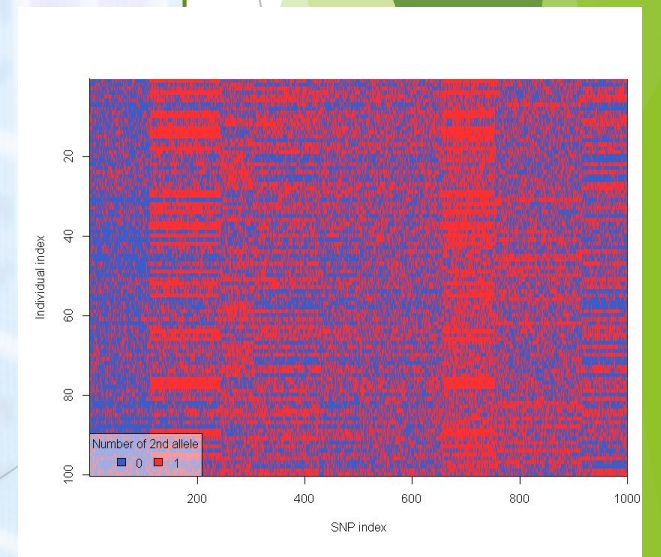
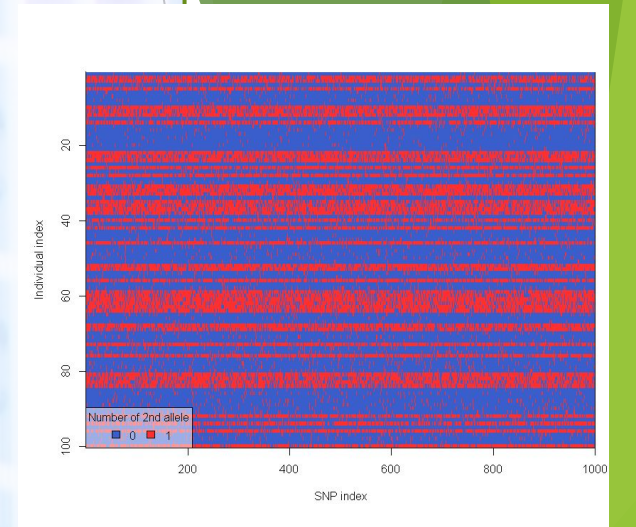


Анализ PCA: цвет по населению и по географии



Нарушение равновесия по сцеплению (LD)

- ▶ Аллели в отдельных локусах **зависимы** друг от друга
- ▶ Проблема? Да и нет
- ▶ Слишком много LD - проблема □ шум >> сигнал
- ▶ Некоторые (предсказуемые) LD могут быть полезны □ позволяет использовать «маркерные» SNP



Методы тестирования ассоциации

Стандартный GWAS

Одномерные методы

Использования взаимодействий

Многовариантные методы

Методы штрафной регрессии (LASSO)

Факториальные методы (ФС на основе DAPC)



Одномерные методы

Статистика индивидуальных тестов

Поправка на множественное тестирование

Вариации

Тестирование

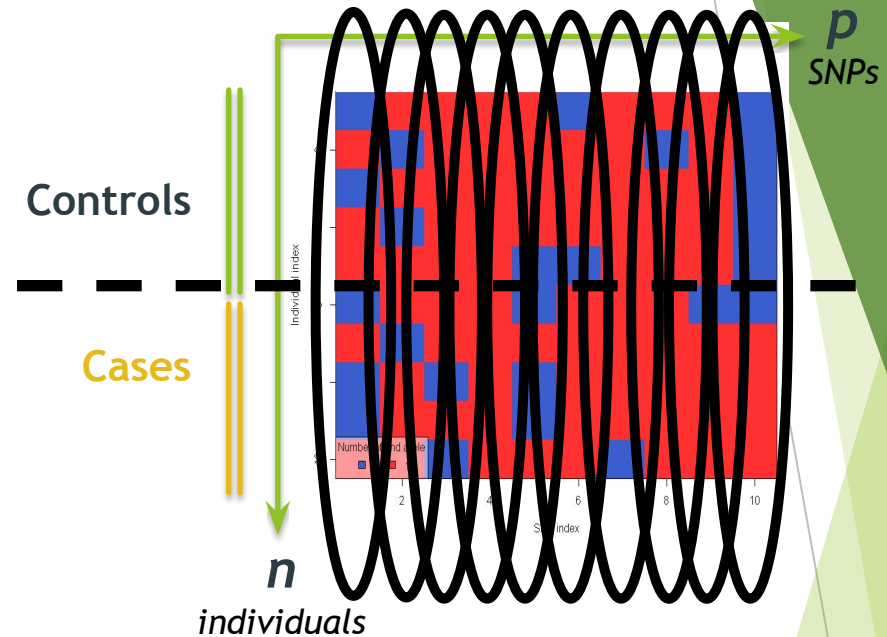
Точный критерий Фишера, критерий тенденции Кохрана-Армитиджа, критерий хи-квадрат, дисперсионный анализ

Золотой стандарт - точный тест Фишера

Исправление

Бонферрони

Золотой стандарт - FDR



Одномерный GWAS- сильные и слабые стороны

Сильные стороны

Простота

Вычислительно быстро

Консервативный

Легко интерпретировать

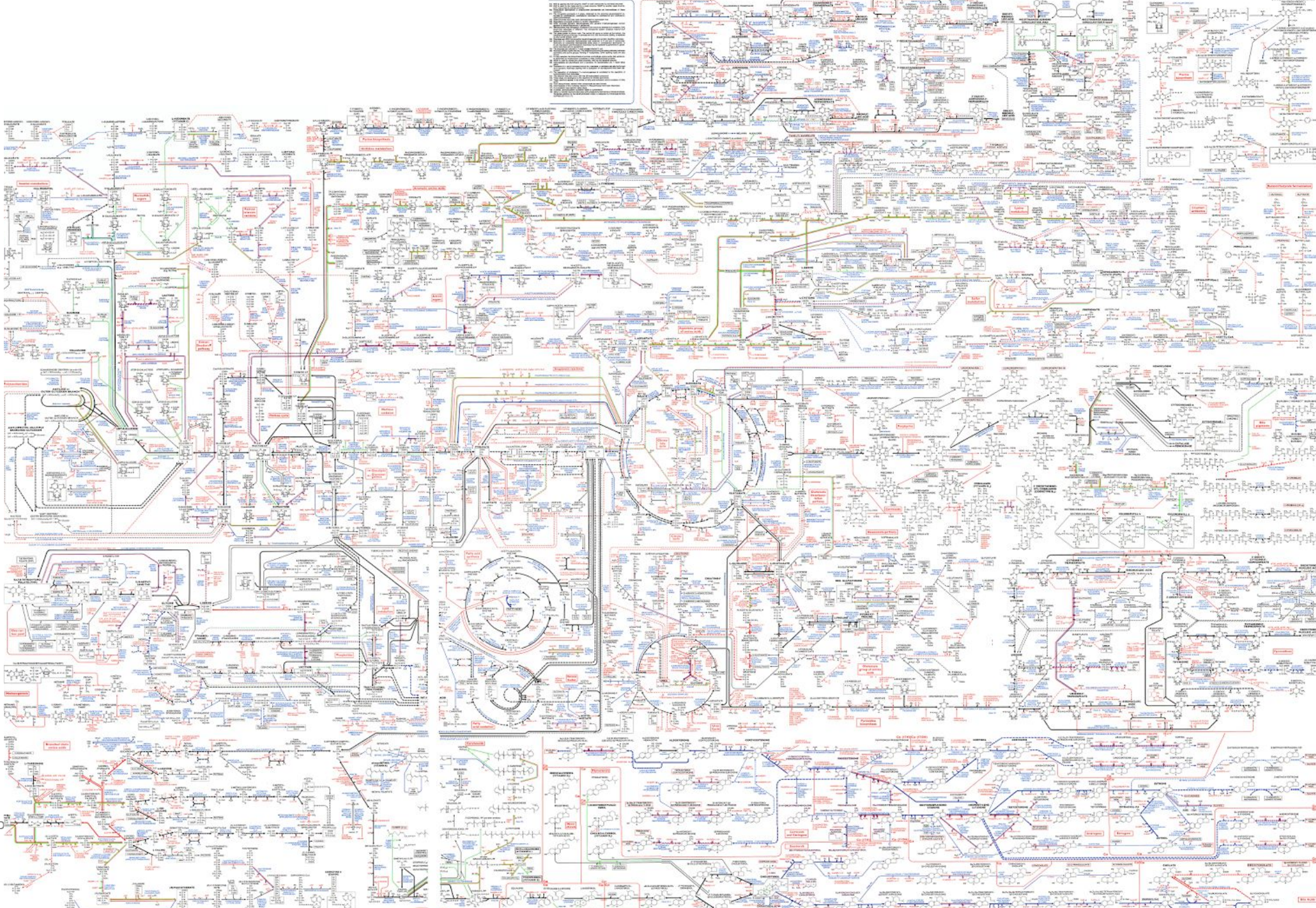
Недостатки

Многомерная система,
одномерная структура

Размер эффекта отдельных
SNP может быть слишком
маленьким.

Предельные эффекты
отдельных SNP \neq
комбинированные
эффекты

Тестир



Многовариантные методы

Штрафная регрессия

Штрафная регрессия LASSO

Эластичная сетка

Регрессия хребта (ридж Регрессия)

Байесовские подходы

Байесовское разбиение

Байесовская логистическая регрессия с выбором переменной случайного поиска

Сопоставление байесовской ассоциации эпистаза

Факторные методы

Sparse-PCA

Контролируемый PCA

ФС на основе

DAPC (snorip)

Отношение шансов на основе MDR

Нейронные сети, оптимизированные для генетического программирования

Нейронные сети

Параметрический убывающий метод

Выбор логической функции

Логические деревья

Логическая регрессия

Монте-Карло

Логическая

Модифицированное программирование экспрессии генов

Установить связь логической регрессии

ассоциативных

Непараметрические исследования

Случайные леса

Ограниченный метод разделения

Комбинаторный метод разбиения

Ридж регрессия (Метод регуляризации Тихонова) с использованием пакета rrBLUP

Ридж регрессия BLUP (Meuwissen et al. 2001)

<https://rdr.io/cran/rrBLUP/main/GWAS.html>

Модель маркерных эффектов

Y - вектор данных

μ - общее среднее

1 - вектор единиц

X_i - матрица расчета

g - генетический эффект i -го маркера

e - ошибка

GWAS $y = \mu 1 + \sum X_i g_i + e$

$$y_i = \beta_0 + \beta_1 w_i + \beta_2 x_i + \varepsilon_i$$

Design matrix

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \\ y_5 \\ y_6 \\ y_7 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & w_1 & x_1 \\ 1 & w_2 & x_2 \\ 1 & w_3 & x_3 \\ 1 & w_4 & x_4 \\ 1 & w_5 & x_5 \\ 1 & w_6 & x_6 \\ 1 & w_7 & x_7 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_0 \\ \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \\ \varepsilon_5 \\ \varepsilon_6 \\ \varepsilon_7 \end{bmatrix}$$

Ридж регрессия - это способ создания модели, когда количество переменных-предикторов в наборе превышает количество наблюдений (ситуация с недостаточным объемом данных).

Код R: установите и загрузите необходимые библиотеки

```
install.packages (c («poolr», «qqman»,  
«BGLR», «rrBLUP», «DT», «SNPRelate»,  
«dplyr», «RgoogleMaps», «ggmap»,  
«mapproj», «sf», "OpenStreetMap",  
"инструменты разработчика"))
```

```
install.packages (c ("rnaturalearth",  
'rnaturalearthdata', 'rgeos', 'ggspatial'))
```

```
library(rrBLUP)
```

```
library(BGLR)
```

```
library(DT)
```

```
library(SNPRelate)
```

```
library(rgeos)
```

```
library(ggspatial)
```

```
library(qqman)
```

```
library(пуллер)
```

```
library(OpenStreetMap)
```

```
library(rjson)
```

```
library(rgdal)
```

```
library(RgoogleMaps)
```

```
library(mapproj)
```

```
library(sf)
```

```
library(dplyr)
```

```
Библиотека (инструменты разработчика)
```

```
devtools :: install_github ("dkahle / ggmap",  
ref = "tidyup")
```


GWAS

```
# создаем файл geno для анализа GWAS пакета rrBLUP
```

```
geno_final <- data.frame (marker = MAP1 [, 2], chrom = MAP1 [, 1], pos = MAP1 [, 4], t (Geno1 - 1),  
check.names = FALSE)
```

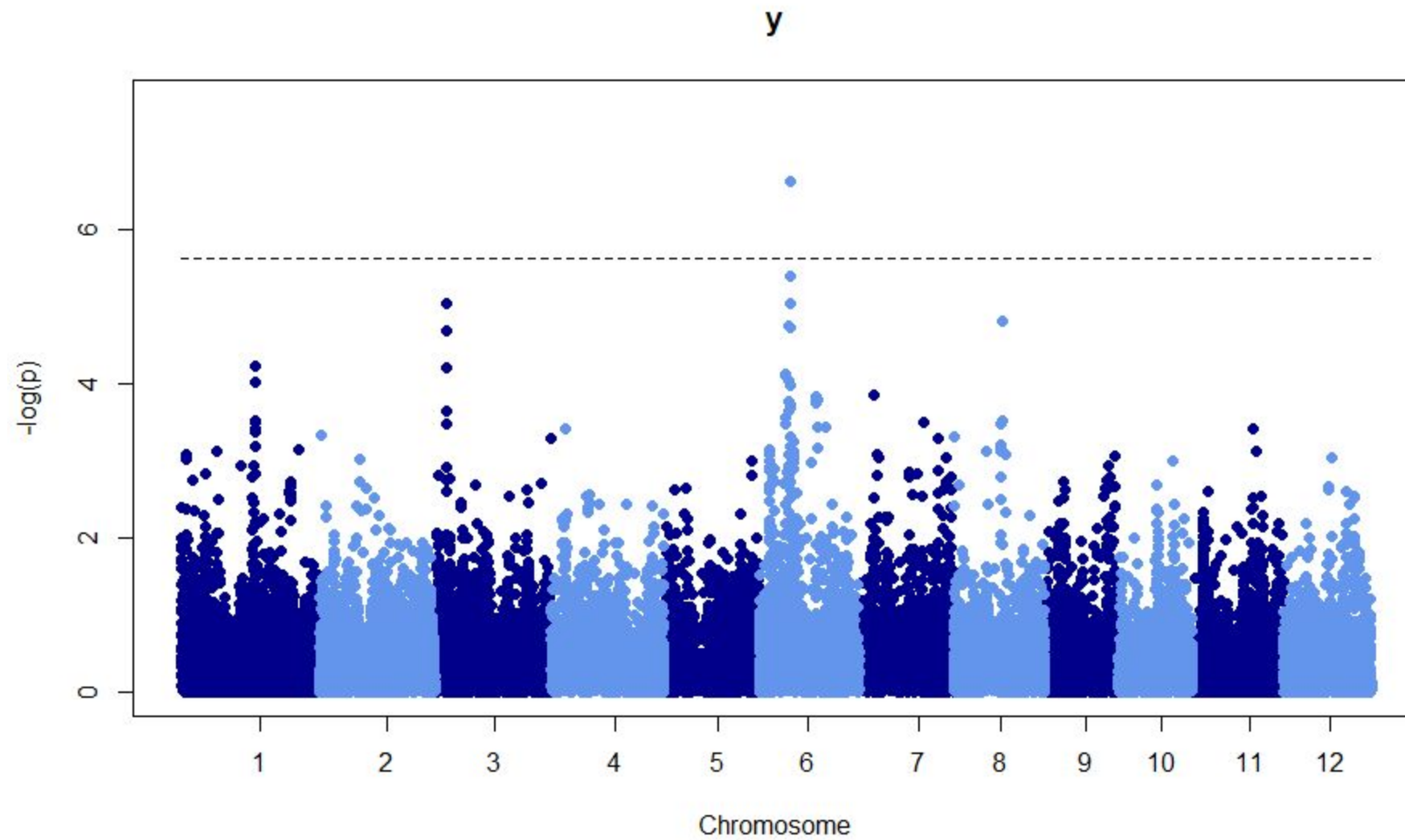
```
dim(Geno1)
```

```
# создаем фенотайп
```

```
pheno_final <- data.frame (NSFTV_ID = rownames (y), y = y)
```

```
# Запустить анализ GWAS
```

```
myGWAS <- GWAS (pheno_final, geno_final, min.MAF = 0,05, P3D = TRUE, plot = TRUE)
```



Использовать поиск по SNP

The screenshot displays the IRRI Rice SNP-Seek Database interface. At the top, the IRRI logo and navigation menu (Home, Search, Browse, My Lists, Order Seeds, Download, Help) are visible. A green banner below the navigation states: "By using SNP-Seek, you abide by the data use license stated here, and development here".

The main content area is titled "Rice Ideogram". On the left, there is a search bar with the text "Search gene position by keyword" and "Enter keyword here...". Below the search bar, the "View type" is set to "Tracks". A list of trait genes is shown, with "Flowering" selected (checked).

The trait gene list includes:

- Rice Quantitative Trait Loci
- Bacterial blight resistance
- Blast resistance
- Cold tolerance
- Culm leaf
- Drought tolerance
- Dwarf
- Eating quality
- Flowering
- Germination dormancy
- Insect resistance
- Lethality
- Lodging resistance
- Morphological trait
- Other disease resistance
- Other soil stress tolerance

The ideogram shows 12 chromosomes (labeled 1-12) and a vertical scale on the right ranging from 0 to 35,000,000. Green arrows and lines indicate the positions of the selected "Flowering" trait genes across chromosomes 6, 7, and 8.

At the bottom left, there are tabs for "Instructions" and "Settings". The "Instructions" tab is active, showing the text: "How to use" and "* Select trait gene(s).".

Есть много новых инструментов

Однако, если вы освоите старый добрый rrBLUP, это поможет понять другие.

Теперь упражнения

Посмотрите на доступные фенотипы, выберите один и повторите упражнения.

"Flowering.time.at.Aberdeen" "Flowering.time.at.Faridpur" "Flowering.time.at.Aberdeen"
"FT.ratio.of.Arkansas.Aberdeen" "FT.ratio.of.Faridpur.Aberdeen" " Culm.habit "" Лист.
Опушение Flag.leaf.length "" Flag.leaf.width "" Awn.presence "

«Число метелок на растение» «Высота растения» «Длина метелки» «Первичное число ветвей» «Число семян на одну ветвь» «Цветки на одну ветвь» «Метелка. Плодородие»
Seed.length "" Seed.width "" Seed.volume "" Seed.surface.area "" Brown.rice.seed.length ""
Brown.rice.seed.width "" Brown.rice.surface.area "" Brown .rice.volume ""
Seed.length.width.ratio "" Brown.rice.length.width.ratio "" Seed.color "" Pericarp.color ""
Straighthead.suseptability "" Blast.resistance "

"Amylose.content" "Alkali.spreading.value" "Protein.content"

"Year07Flowering.time.at.Arkansas" "Year06Flowering.time.at.Arkansas"

Подход к прогнозированию географической структуры населения (GPS)

Сделать вывод о происхождении человека из полногеномной коллекции маркеров, информативных о происхождении.



От SNP к добавке

Чтобы сделать вывод о структуре популяции на основе данных генотипа, необходимо сначала уменьшить размерность набора данных из-за тысяч SNP, которые он включает.

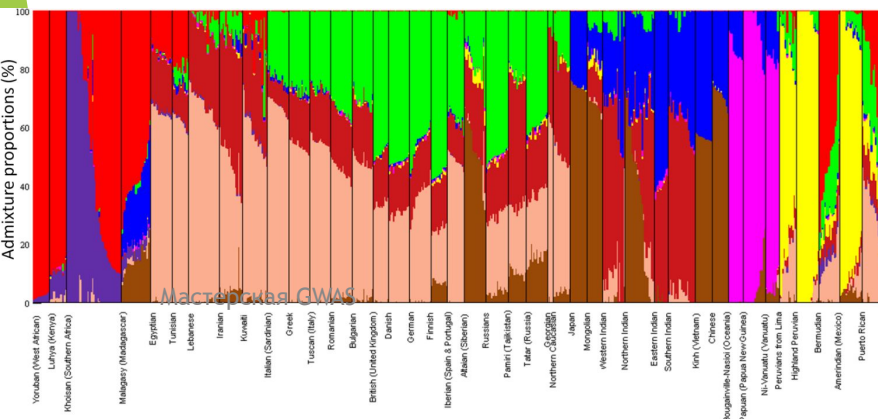
Тысячи SNP

```
HGDP00985 HGDP00985 0 0 1 6 T T G G T C A G T C G G G G G A C A C C G G C A G G C C A G C C A G C C C C C
HGDP01094 HGDP01094 0 0 1 6 C T G G T C A G T C G G G G G A C A C C G G C C G G C C A G T C A G C C C C C
HGDP00982 HGDP00982 0 0 1 6 C C G G T C A G C C G G G G G G C C C C G G A A A G C C A G T C G G C C C C C
HGDP00911 HGDP00911 0 0 1 6 C T G G C C G G C C G G G G A A A A C C G G C A A G A C A G T C G G C A C C T
HGDP01202 HGDP01202 0 0 1 6 C C G G C C G G T C A G G G G G C C C C G G C C A A C C G G T C G G C C C C C
```



ДОБАВКА

	к северо-востоку Азиатский	Средиземноморь е	Южноафриканск ий	Юго-Западная Азия	Коренной американец	Океанический	Юговосточная Азия	Северный Европейский	К югу от Сахары Африканский
HGDP00985	0,5253	0,0202	0	0,2222	0,0404	0,0101	0,0101	0,1717	0
HGDP01094	0,04	0,04	0	0,03	0,83	0	0,01	0,05	0
HGDP00982	0,0102	0,1531	0,0306	0,0714	0,0408	0	0,0102	0,2041	0,4796



Пропорции примесей в географически смежных популяциях, таких как итальянцы и греки, а также в популяциях с похожей историей, таких как британцы и немцы, одинаковы.



Geographic population structure analysis of worldwide human populations infers their biogeographical origins

Eran Elhaik, Tatiana Tatarinova, Dmitri Chebotarev, Ignazio S. Piras, Carla Maria Calò, Antonella De Montis, Manuela Atzori, Monica Marini, Sergio Tofanelli, Paolo Francalacci, Luca Pagani, Chris Tyler-Smith, Yali Xue, Francesco Cucca, Theodore G. Schurr, Jill B. Gaieski, Carlalynne Melendez, Miguel G. Vilar, Amanda C. Owings, Rocío Gómez ⁺ *et al.*

[Affiliations](#) | [Contributions](#) | [Corresponding author](#)

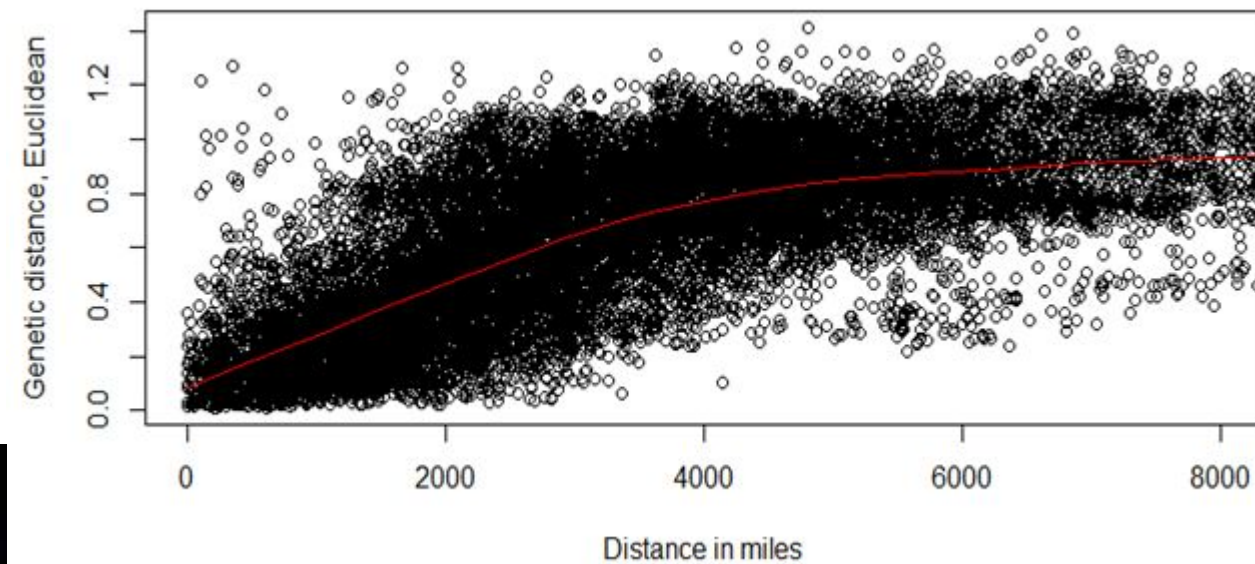
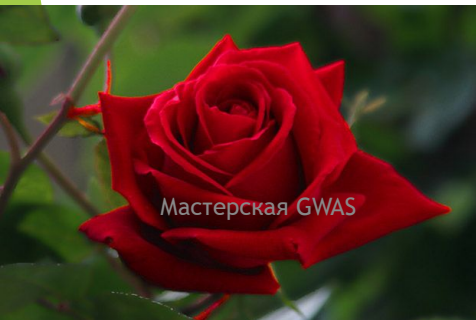
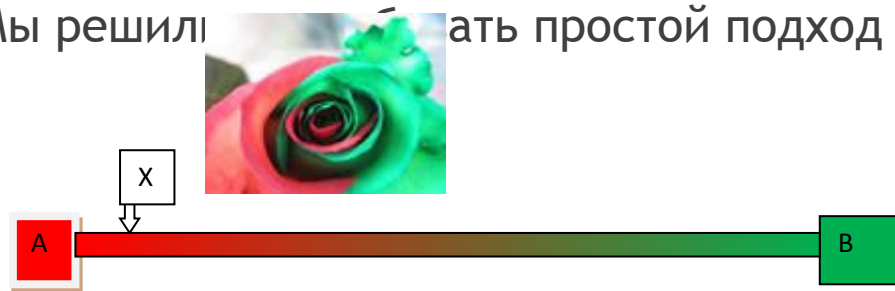
Nature Communications 5, Article number: 3513 | doi:10.1038/ncomms4513

Received 17 April 2013 | Accepted 26 February 2014 | Published 29 April 2014

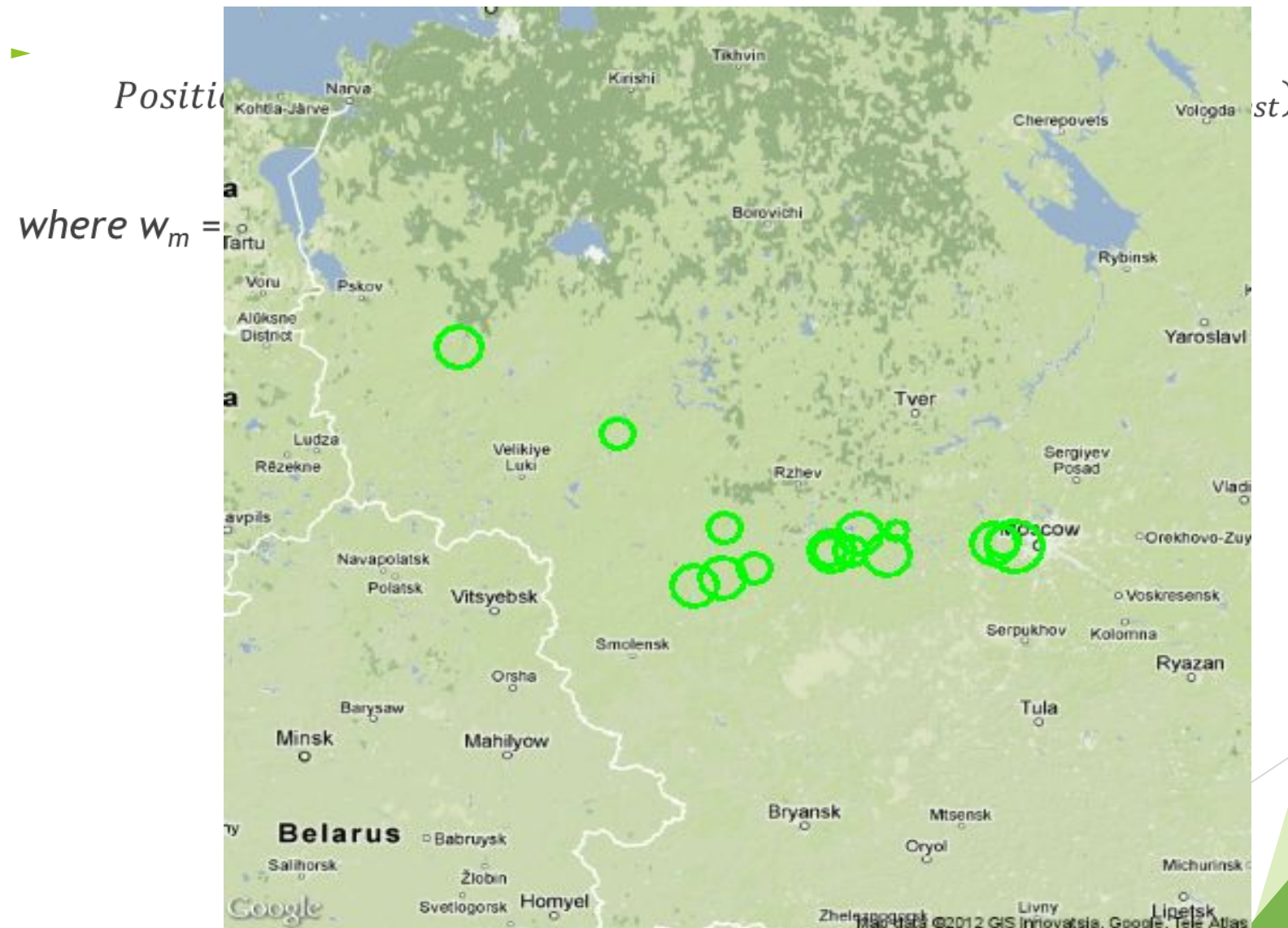
Прогноз био-происхождения

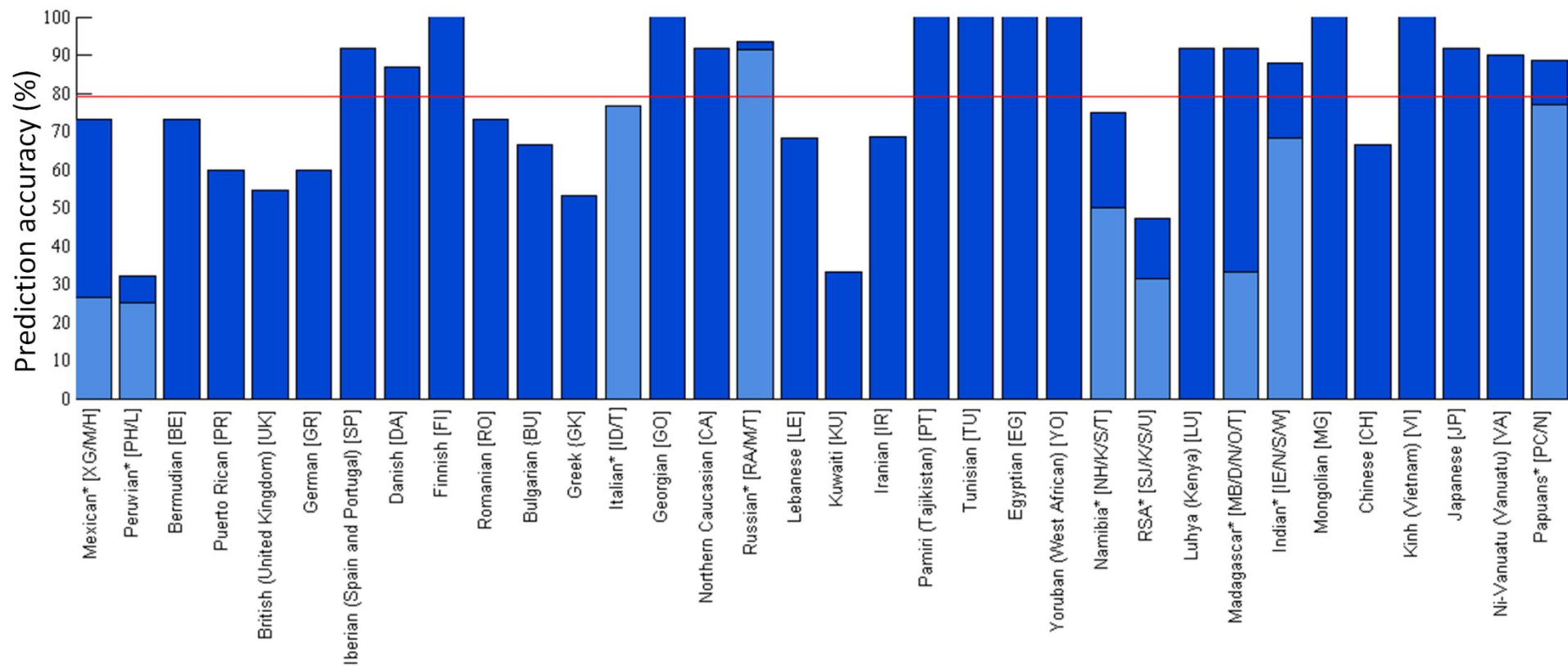
- ▶ Зная связь между географическими и генетическими расстояниями, можно ли определить географическое происхождение человека с известным генотипом?

- ▶ Мы решили использовать простой подход



Неизвестные образцы





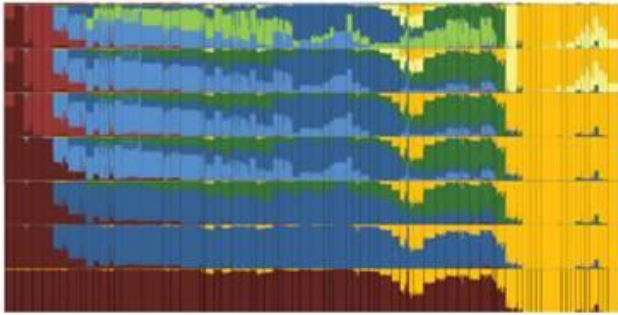
- GPS точно назначен
- ~ 100% всех людей в свои континентальные регионы
- 80% всех людей в страну происхождения
- 60% всех людей в своем внутреннем регионе страны

Моделирующая добавка

The GPS customization scheme

1 Assemble a diverse dataset with at least 500 markers genotyped in >2 populations with >2 individuals in each population.

2 Run ADMIXTURE with various K s. Choose the k that represents the most biologically correct divisions, rather than noise.



3 Generate k putative ancestral populations.

8 Apply all GPS tools for individuals of unknown origins

7 Run GPS for the *reference population dataset* and test the assignment accuracy. High specificity and sensitivity indicate a successful design.

6 Calculate the relationship between genetic and geographic distances.

5 Create the *reference population dataset* by keeping only the unmixed populations with known geographical from the your original dataset.

4 Associate your k putative ancestral populations with geographic regions (e.g., North Africans, South Europeans).



1001 Genomes - Каталог генетической изменчивости *Arabidopsis thaliana*.



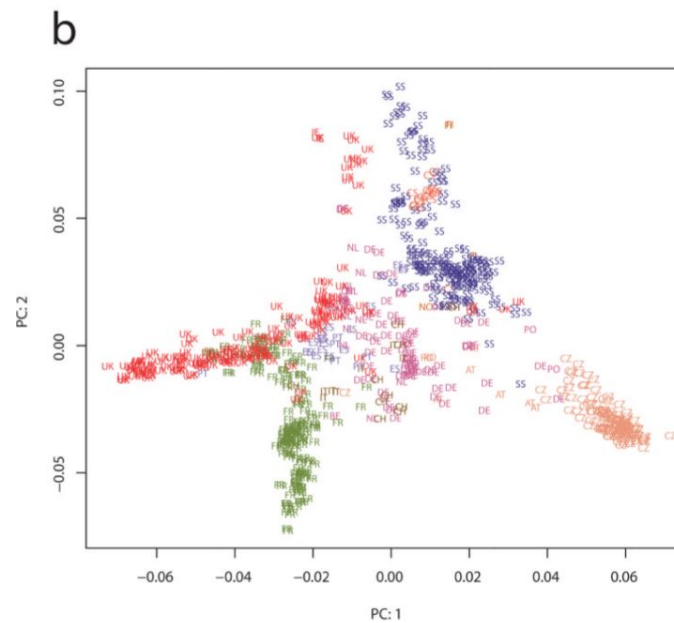
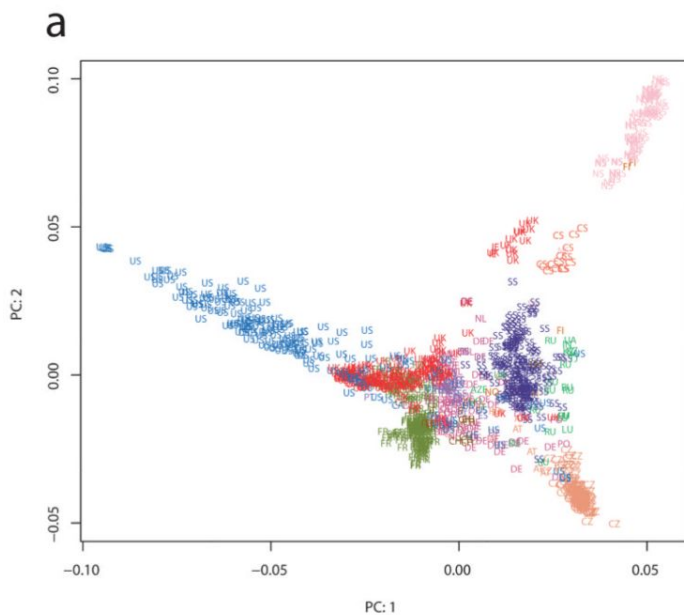
Мы взяли 450 инбредных штаммов *A. thaliana* из 22 стран, секвенированные и проанализированные Институтом биологии развития Max-Planck и компанией Monsanto из проекта 1001 Genomes (<http://1001genomes.org/projects/MPICWang2013/>)

Образцы из 22 стран
Массив SNP генотипа 250К
Координаты точки сбора



Мастерская GWAS Антон Елисеев / Кристина Кривоносова

Структура населения



- Мэтью В. Хортон и др. Полногеномные паттерны генетической изменчивости во всем мире образцов *A. thaliana* из панели RegMap. Nat. Genet. 44 (2)

Фильтрация SNP

Мы взяли файлы вариантов, доступные на <http://1001genomes.org/data/MPI/MPICWang2013/releases/current/>.

отфильтрованы инделы и неаутосомные варианты. Обнаружено около 8 млн вариантов.

Мы выбрали 80 000 SNP из исходного набора данных и создали файл PLINK.

Используя PLINK, мы удалили SNP с частотой минорного аллеля $< 0,05$.

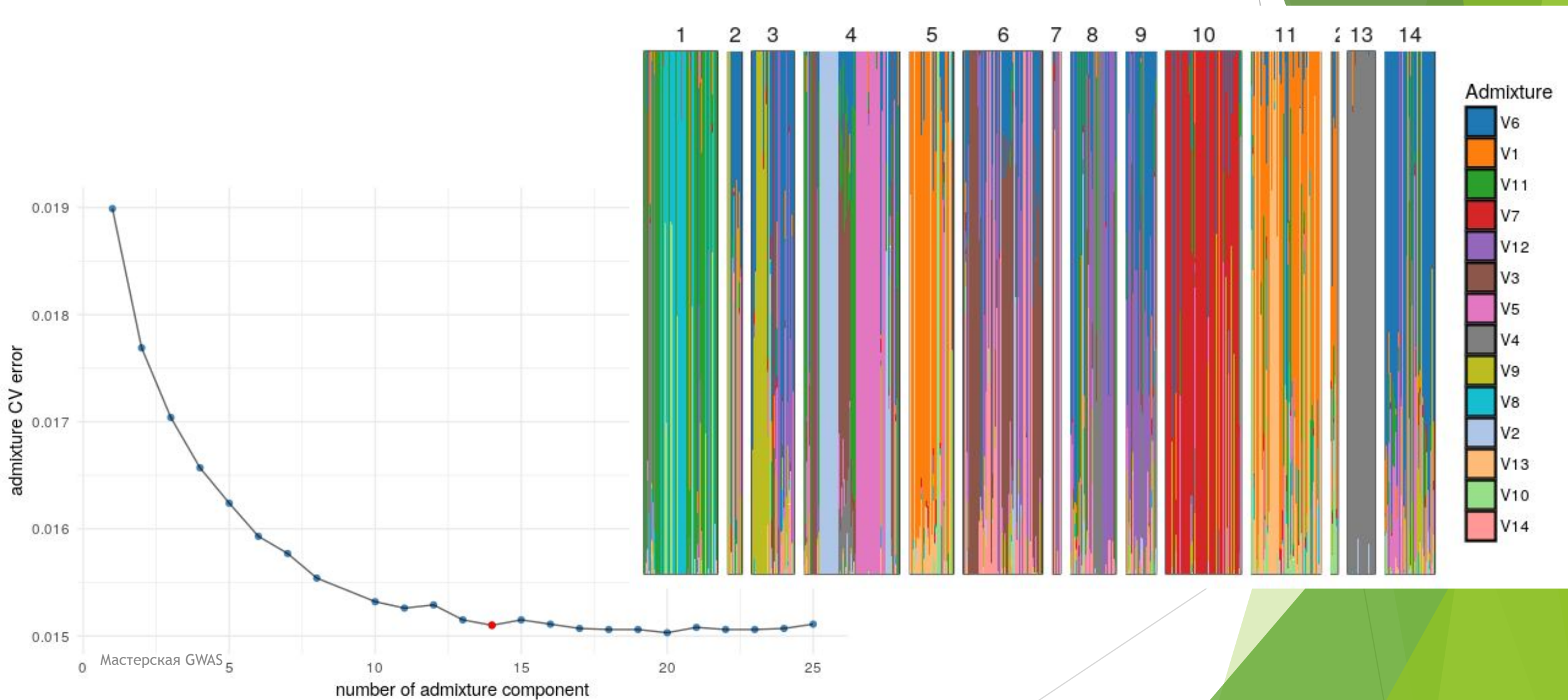
и далее удалил LD с $r^2 > 0,2$, используя окно размером 50

Количество оставшихся SNP - 40 518.

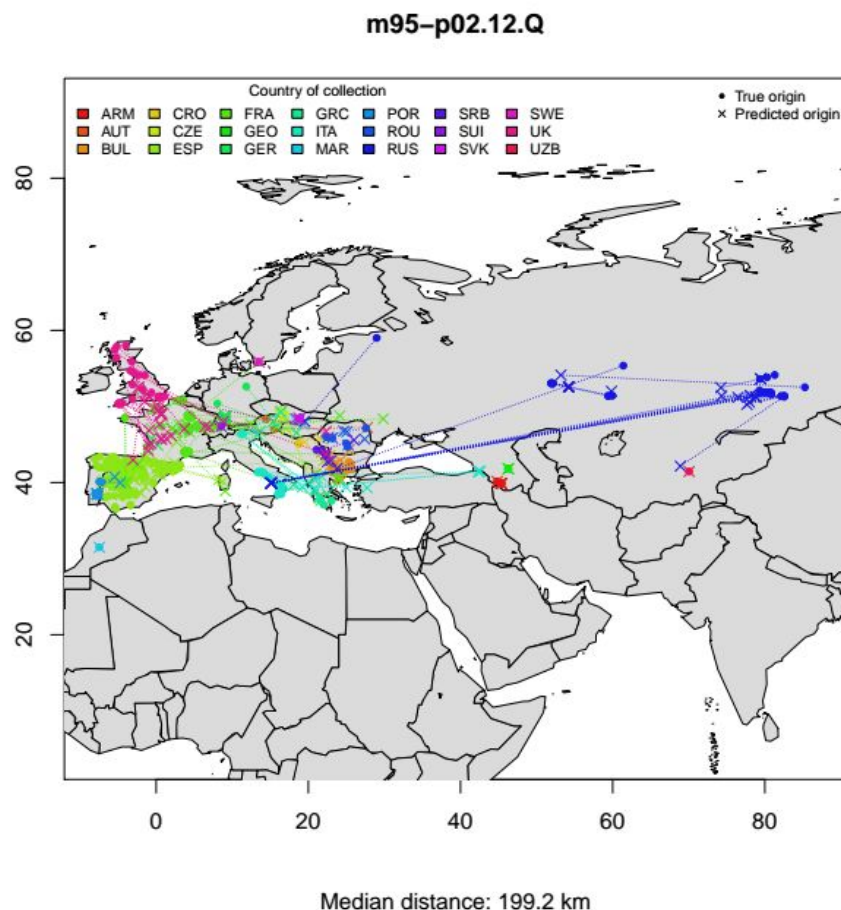
ДОБАВКА

- ▶ Мы выполнили несколько анализов ADMIXTURE с числом предковых популяций K от 3 до 20, а затем для последующих анализов было выбрано $K = 14$, так как это давало наименьшее медианное расстояние при проверке исключения по одному.
- ▶ Затем мы разделили некоторые из исходных популяций на 41 генетически однородную субпопуляцию с помощью K -средних.

Примесь



Проверка GPS по одному разу



- Процент популяций, которые точно нанесены на карту 60%
- Среднее расстояние до правильного населения 200 км

Исходная гипотеза

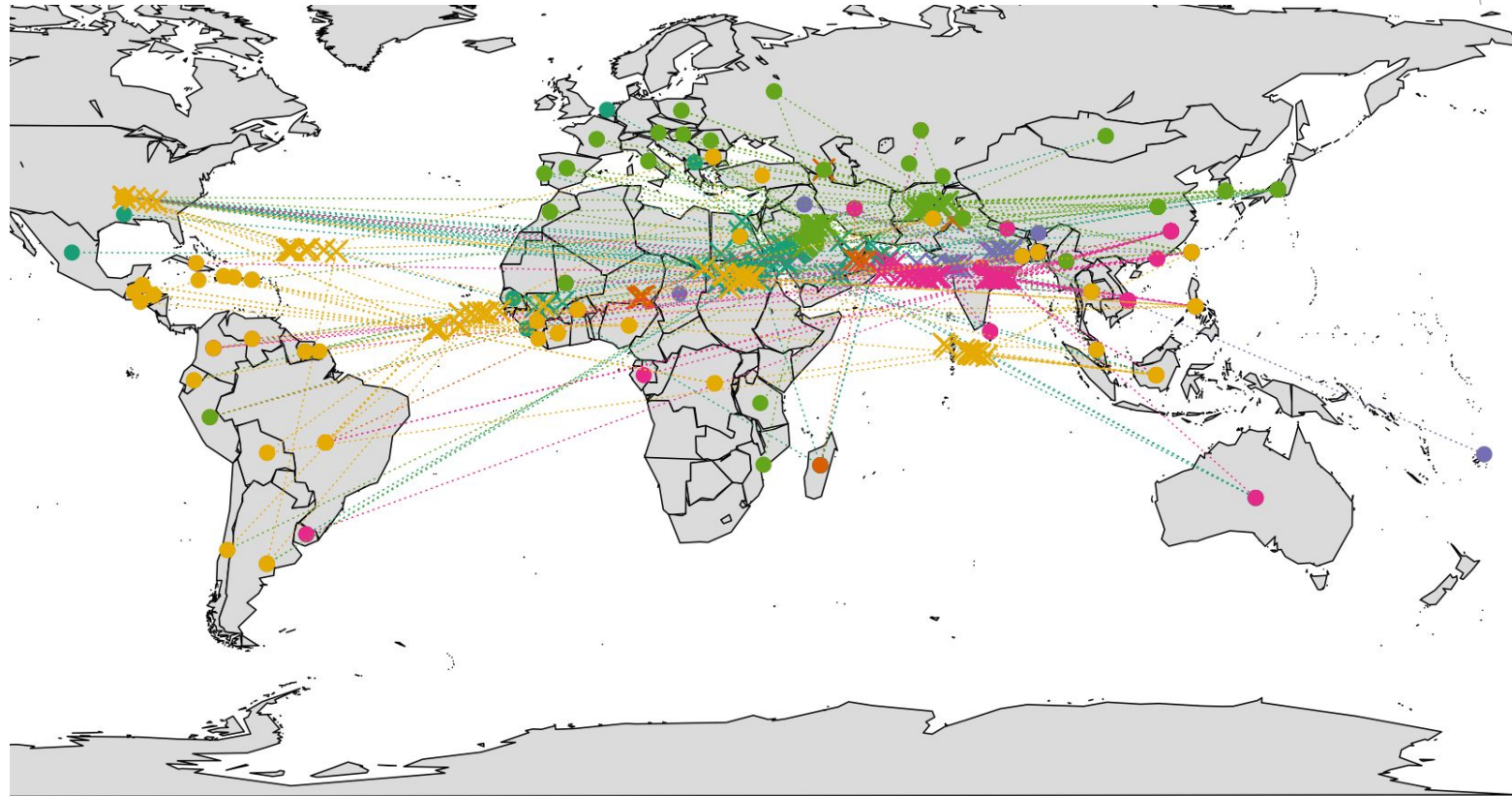
Географическое положение *Arabidopsis* должно быть связано с холодоустойчивостью. Более холодный климат в Северном полушарии наблюдается в более высоких широтах. Растения могут адаптироваться к более холодному климату, регулируя время цветения. Следовательно, мы ожидаем увидеть связь с генами, контролирующими время и широту цветения.

GPS-анализ *O. sativa*



Мастерская GWAS

Точность для риса



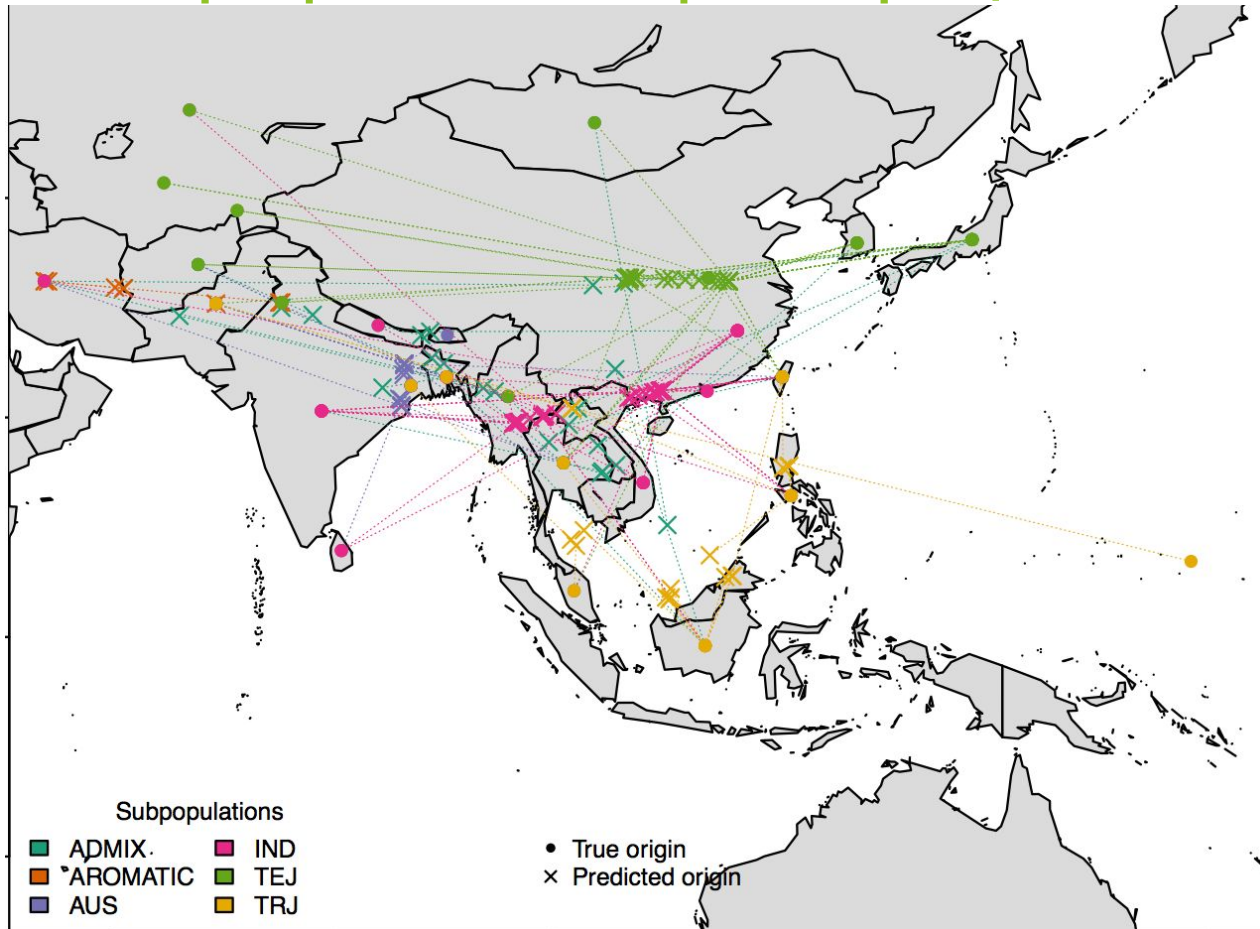
Subpopulations

- | | |
|----------|-----|
| ADMIX | IND |
| AROMATIC | TEJ |
| AUS | TRJ |

- True origin
- × Predicted origin

Среднее расстояние: 4043
км

Прогнозирование GPS после SNP и географической фильтрации



Среднее
расстояние: 1141
км

Почему не работает с рисом?

Рис не может выбрать свою вторую половинку, а арабидопсис может.



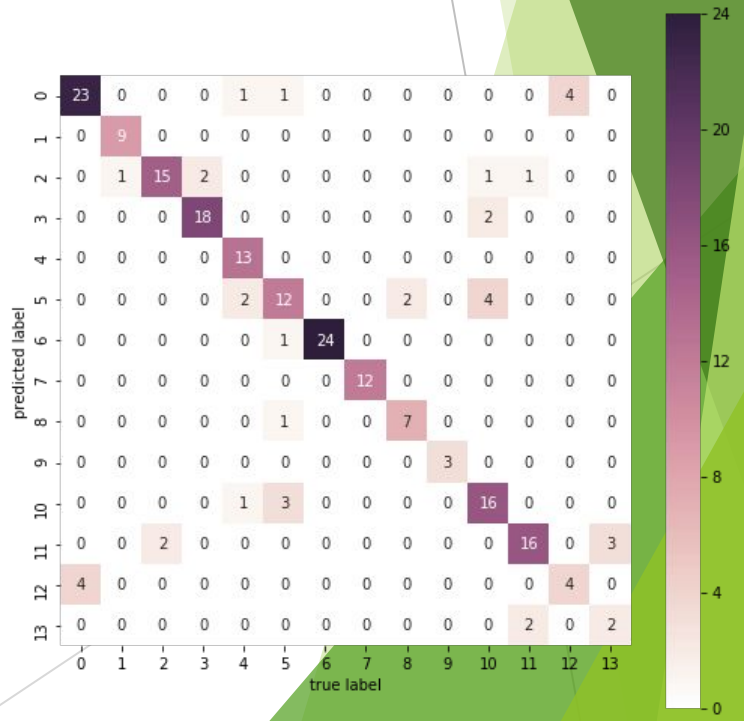
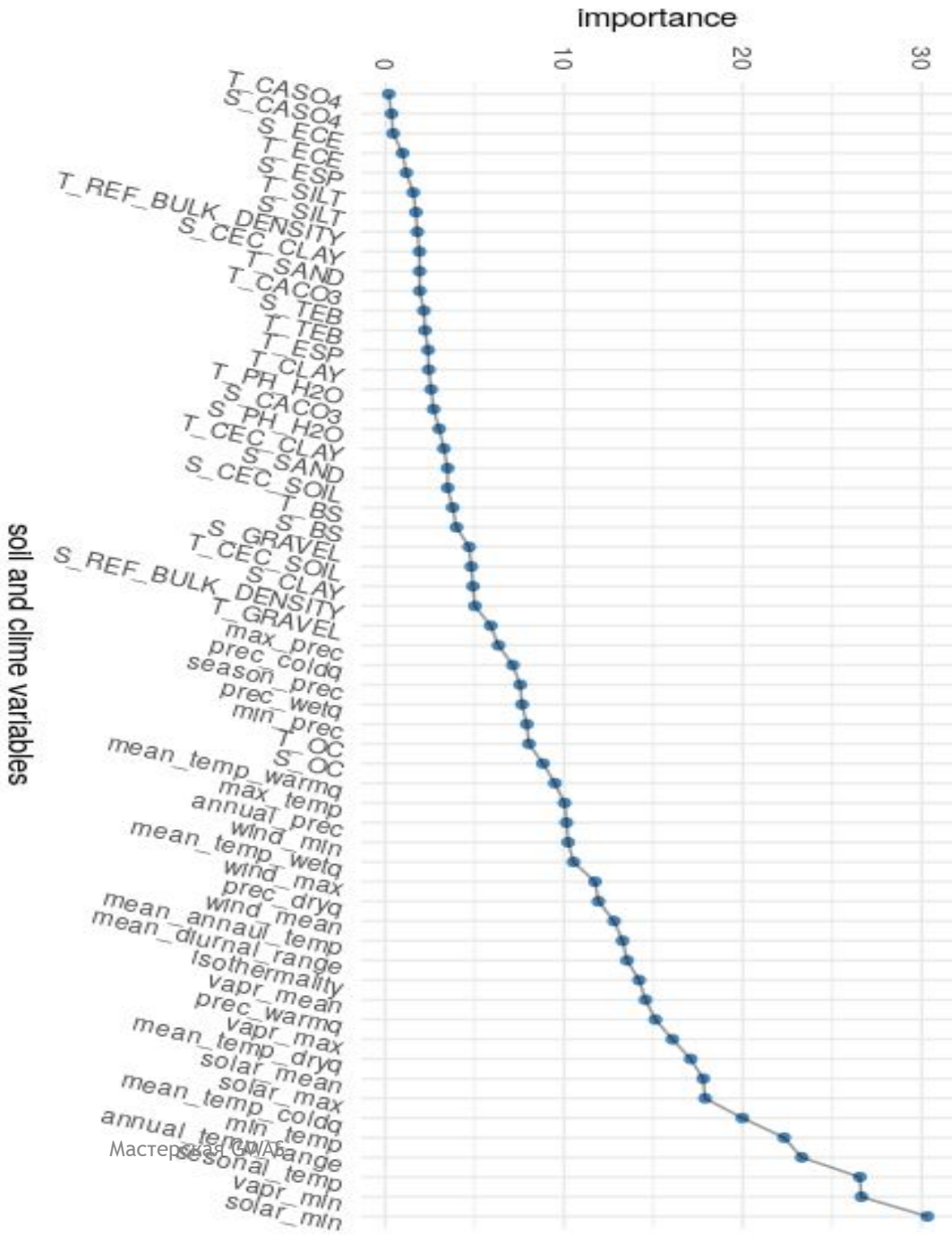
Наборы данных: WorldClimе и SoilDB

Компоненты примеси больше зависят от климата, чем от параметров почвы.

Климат и почва не являются независимыми (р-значение теста Мантеля 0,03)

Затем спрогнозируйте класс компонента примеси по климату и почве.

Точность 0,85



Часть 1 заключение

Мы умеем моделировать дикие
виды - не так уж и много с
одомашненными

Климат и почва влияют на
генетику (да!)

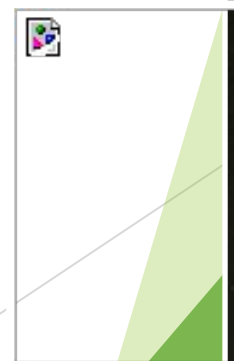
M. truncatula - модельное бобовое растение.

- Семейство бобовых (бобовых) растений
- Возможность установления клубенькового симбиоза
- Высокая синтения к бобовым культурам
- Небольшой диплоидный геном (500 МБ) секвенирован Tang et al., 2014 (BMC Genomics)
- Многочисленные геномные ресурсы
- RIL популяции
- Коллекции мутантов
- Большие базы данных EST и RNASEQ
- Ресурсы HARMAP Branca et al., 2011 (PNAS)
- 288 геномов уже секвенированы
- Инструменты биотехнологии для валидации
- Большое биоразнообразие Gentsbittel et al., 2015 (Front. Pl. Sci)

Мастерская GWAS



Medicago truncatula



Проект NSF HarMap

Medicago truncatula

HAPMAP PROJECT

[Home](#) [Hapmap](#) [Tools](#) [Downloads](#) [Resources](#) [Contact](#)

Medicago Hapmap

We are building a hapmap based on short-read sequencing of approximately 330 inbred *Medicago truncatula* accessions. This provides a foundation for discovering single nucleotide polymorphisms (SNPs), insertions/deletions (INDELs) and copy number variants (CNV's) at very high resolution among the *Medicago* lines. The resulting database of sequence variants establishes a basis for describing population structure and identifying genome segments with shared ancestry (haplotypes) - and thereby creates a long-term, community resource for genome-wide association studies.

About this Project

We are developing a *Medicago* Hapmap as part of an international consortium consisting of the University of Minnesota, the National Center for Genome Resources (NCGR), Boyce Thompson Institute (BTI), J. Craig Venter Institute (JCVI) Hamline University, the University of Southern California, INRA-Montpellier, ENSAT-Toulouse, and the Noble Foundation.

Briefly, 384 inbred lines spanning the range of *Medicago* diversity are being resequenced using Illumina next generation technology. This provides a foundation for discovering single nucleotide polymorphisms (SNPs), insertions/deletions (INDELs) and copy number variants

Мастерская GWAS

News

June 2014
R108 Draft Sequence Available

July 2014
7th International Conference on Legume Genetics and Genomics Congress and 6th International Food Legumes Research Conference (Saskatoon, Canada).

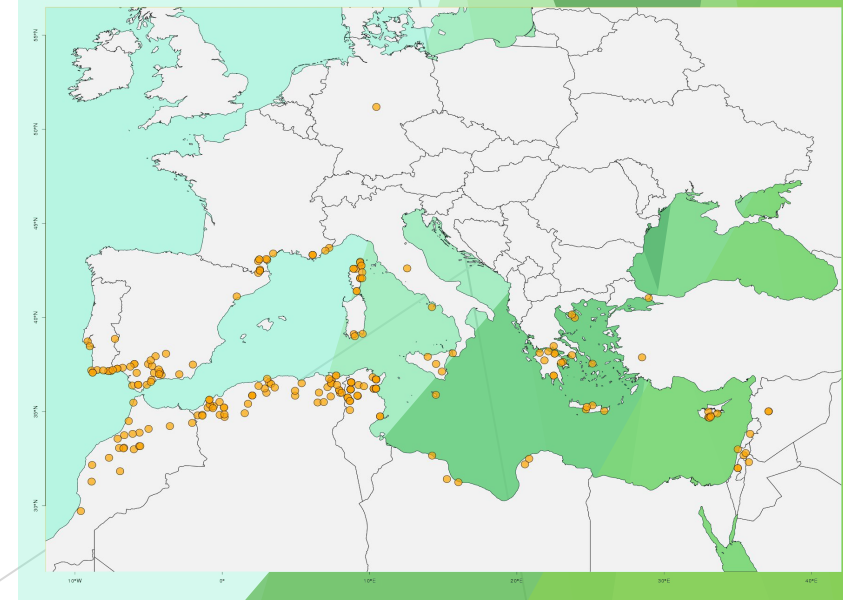
April 2014
Updated SNPs against Mt4.0 now available.

January 2014
Blast search now available against draft R108 sequence.

Текущее состояние: 288 последовательных образцов.

Итого: 16.516.721 SNP
30 строк при > 20X

Остальные -> 5X



Бобовые - это основные сельскохозяйственные виды, используемые в питании человека и ЖИВОТНЫХ.

Зерновые бобовые

- Соя
- Нута
- Фасоль
- Горох
- Арахис
- Чечевица



Кормовые бобовые

- Люцерна
- Клевер



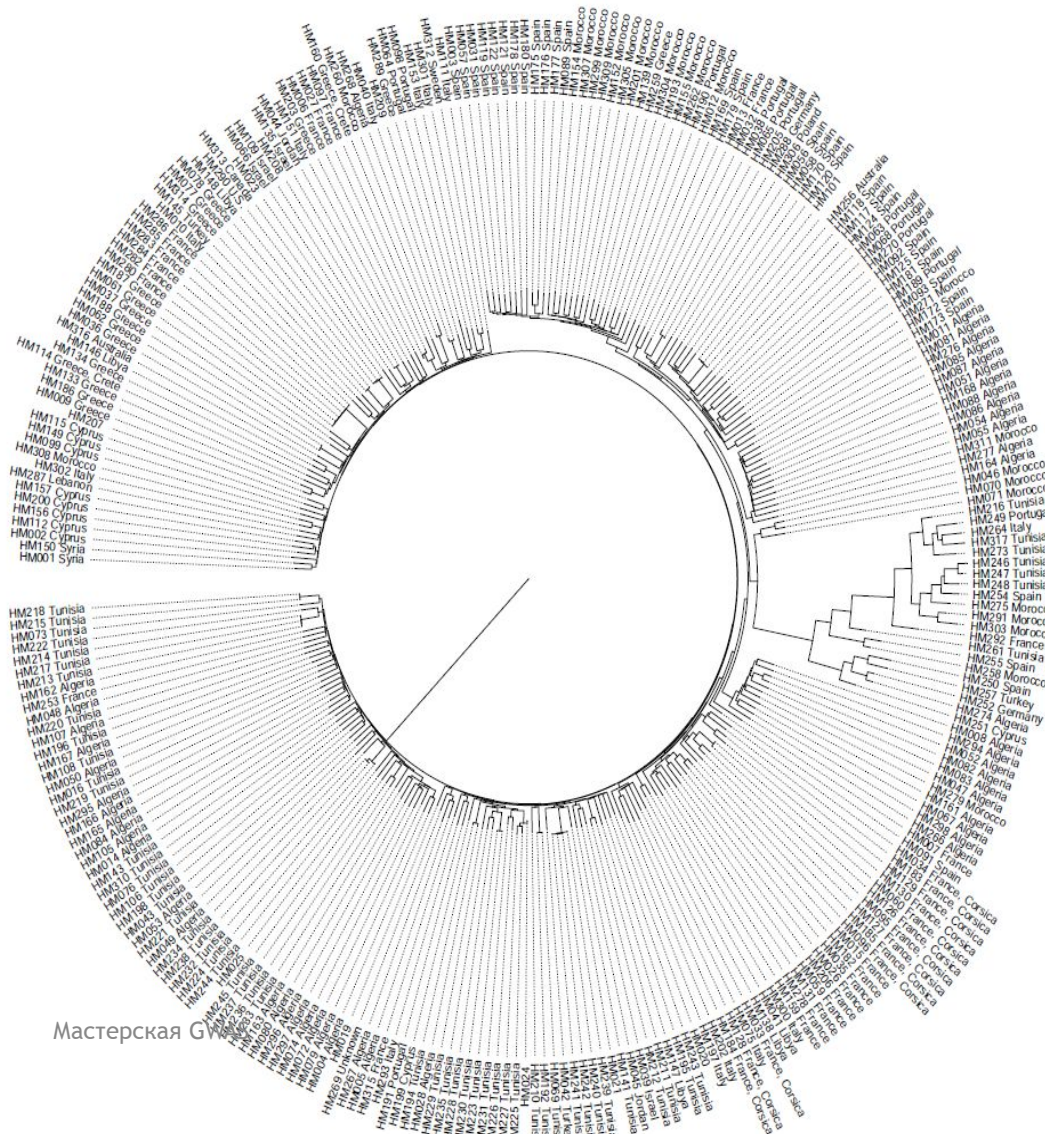
Фото: Б. Жулье.

Высокая
сельскохозяйствен
ная
ценность

Зерновые Бобовые очень богаты белком (горох: в 3 раза больше, чем злаки)

Данные HarMap для *M. truncatula*

Текущее состояние: 288 последовательных образцов.



SNP
Chr1: 1,508,346
Chr2: 1.964.419
Chr3: 2.472.365
Chr4: 2.225.537
Chr5: 3.251.290
Chr6: 1.172.980
Chr7: 2.262.094
Chr8: 1.659.690

Итого: 16.516.721

~ 40% SNP в кодирующих регионах

18
сестринских
таксонов

Вот данные, доступные для 288 образцов *Medicago*, которые уже были секвенированы, что привело к общему количеству более 16,5 миллионов SNP. Среди них 18 образцов, которые сильно отличались от других, были переклассифицированы в некоторые сестринские таксоны, несмотря на полное ботаническое

M. truncatula спонтанно встречается по всему Средиземноморскому бассейну.



Фото: J-M Prosperé, INRA Montpellier, Франция.



Фото: А. Абдельгерфи, INA, Алжир, Алжир



Фото: Л. Генцбиттель, ENSAT, Тулуза, Франция.



Фото: J-M Prosperé, INRA Montpellier, Франция.



Фото: Э. Ауани, СВВС, Тунис



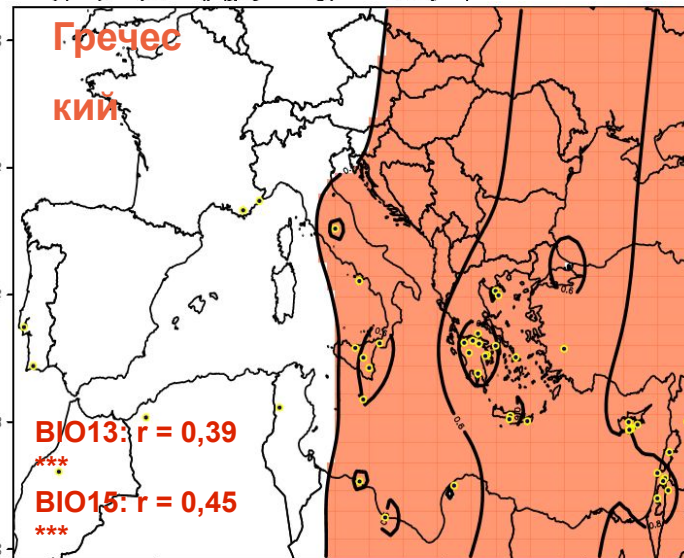
Фото: Л. Генцбиттель, ENSAT, Тулуза, Франция.

Некоторые наследственные геномы могут быть адаптированы к местным биоклиматическим

Мы искали предполагаемую связь с 19 биоклиматическими переменными, как определено WorldClim (<http://www.worldclim.org>).



Геном «испанского побережья» отрицательно коррелирует с сезонностью $T^{\circ}C$ (BIO4), и годовой диапазон $T^{\circ}C$ (BIO7).



«Греческий» геном положительно коррелирует с осадками самого влажного месяца (BIO13), сезонность осадков (BIO15), осадки самого влажного квартала (BIO16) и осадки самого холодного квартала (BIO19).

BIO4: $r = -0,42$

BIO7: $r = -0,31$

BIO13: $r = 0,39$

BIO15: $r = 0,45$

BIO16: $r = 0,33$

BIO19: $r = 0,29$

BIO1: $r = 0,26$ ***
BIO11: $r = -0,24$ **
BIO12: $r = -0,28$

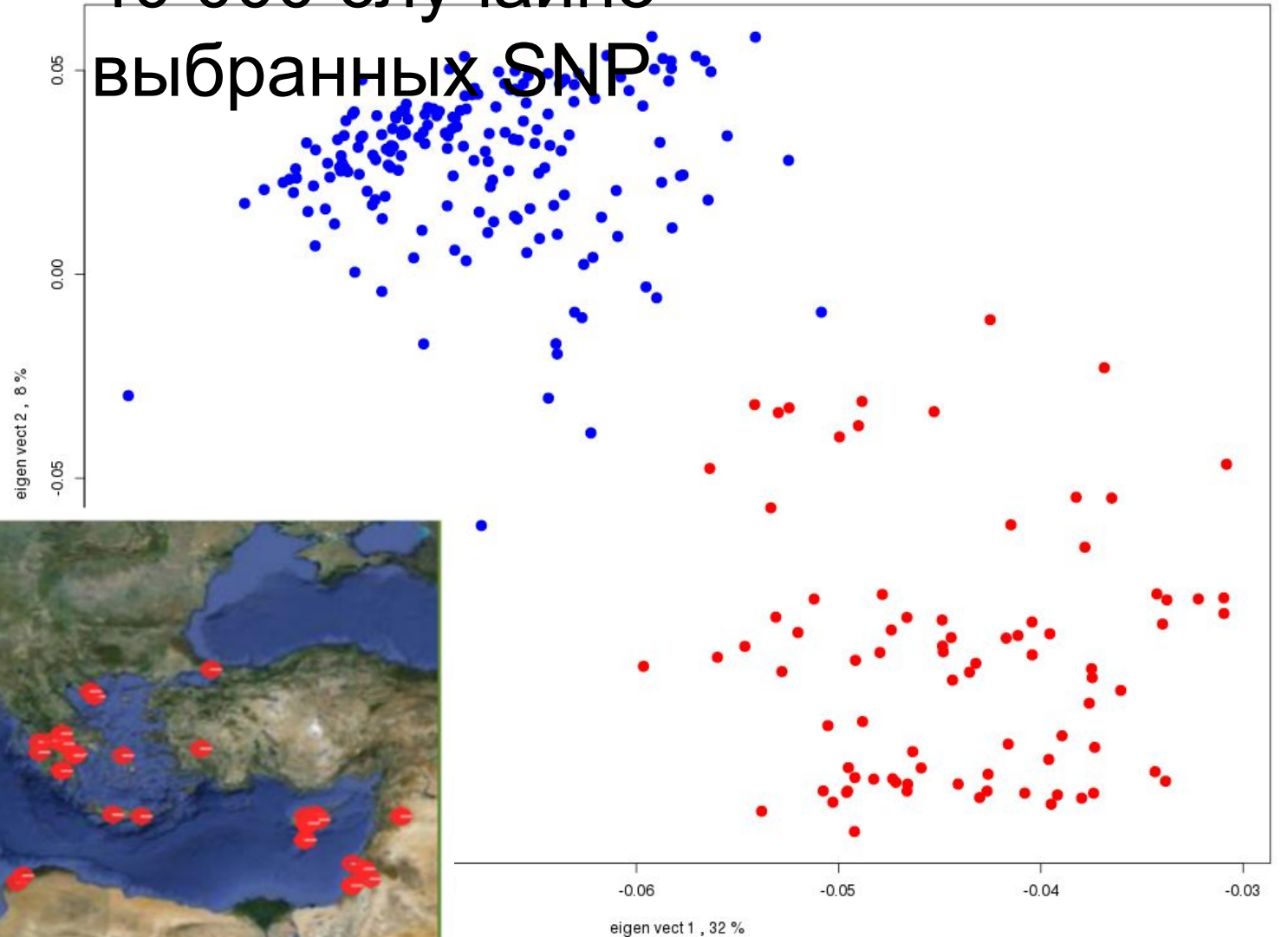
Геном «Южного побережья Туниса» положительно коррелирует со средней годовой $T^{\circ}C$ (BIO1) и средней $T^{\circ}C$ более холодного квартала (BIO11) и отрицательно коррелировал с годовым количеством осадков (BIO12).

Геном «Северного побережья Туниса» не имеет существенной корреляции с какими-либо биоклиматическими переменными.

РСА определяет две субпопуляции Medicago среди 262 образцов.

В соответствии с результатами Bonhomme et al. 2014 г.

40 000 случайно
выбранных SNP



Уточненная популяционная структура видов *Medicago* с использованием алгоритмов Admixture и GI

840K randomly selected SNPs (~100,000 per chromosome)

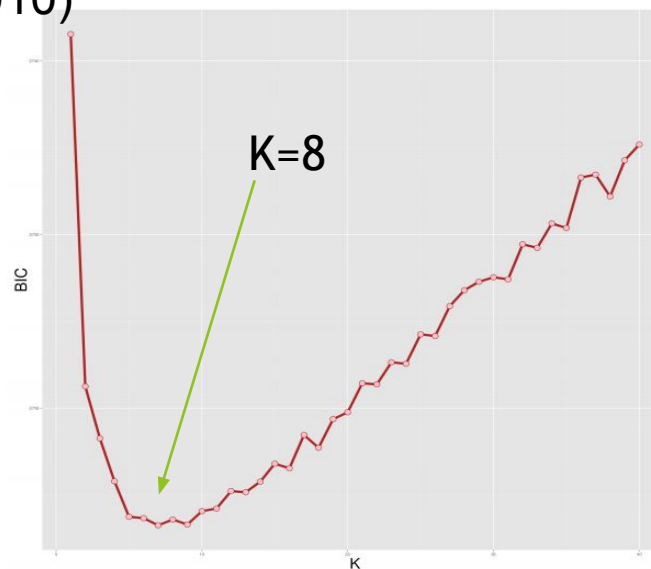
Admixture analysis

'leave-one-out' test for assignation of accessions to actual populations, using inferred ancestral genomes proportions.

Мастерская GWAS

Choice of # putative ancestral populations

Fig. 1: BIC as a function of increasing values of K, using Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC) applied on the 840K SNP dataset. (Jombart et al 2010)



Medicago, вероятно, будет иметь 8 наследственных геномов.

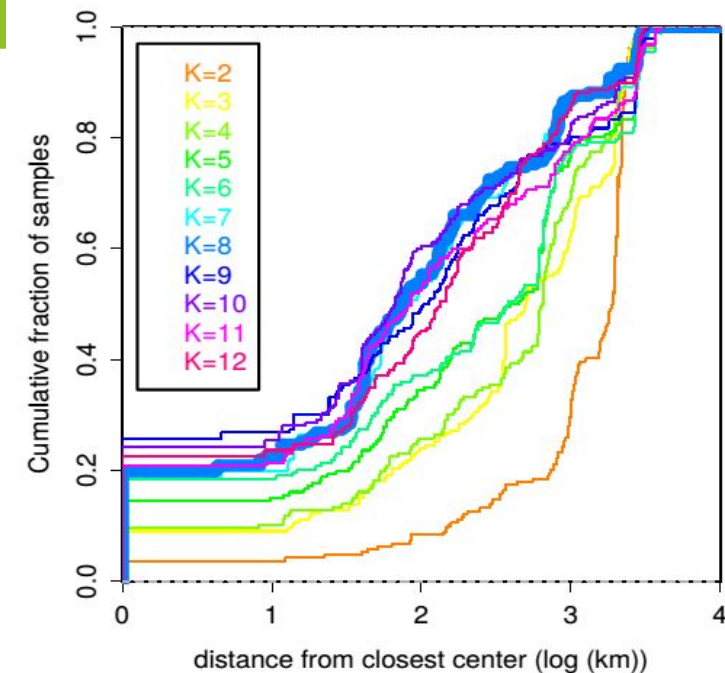
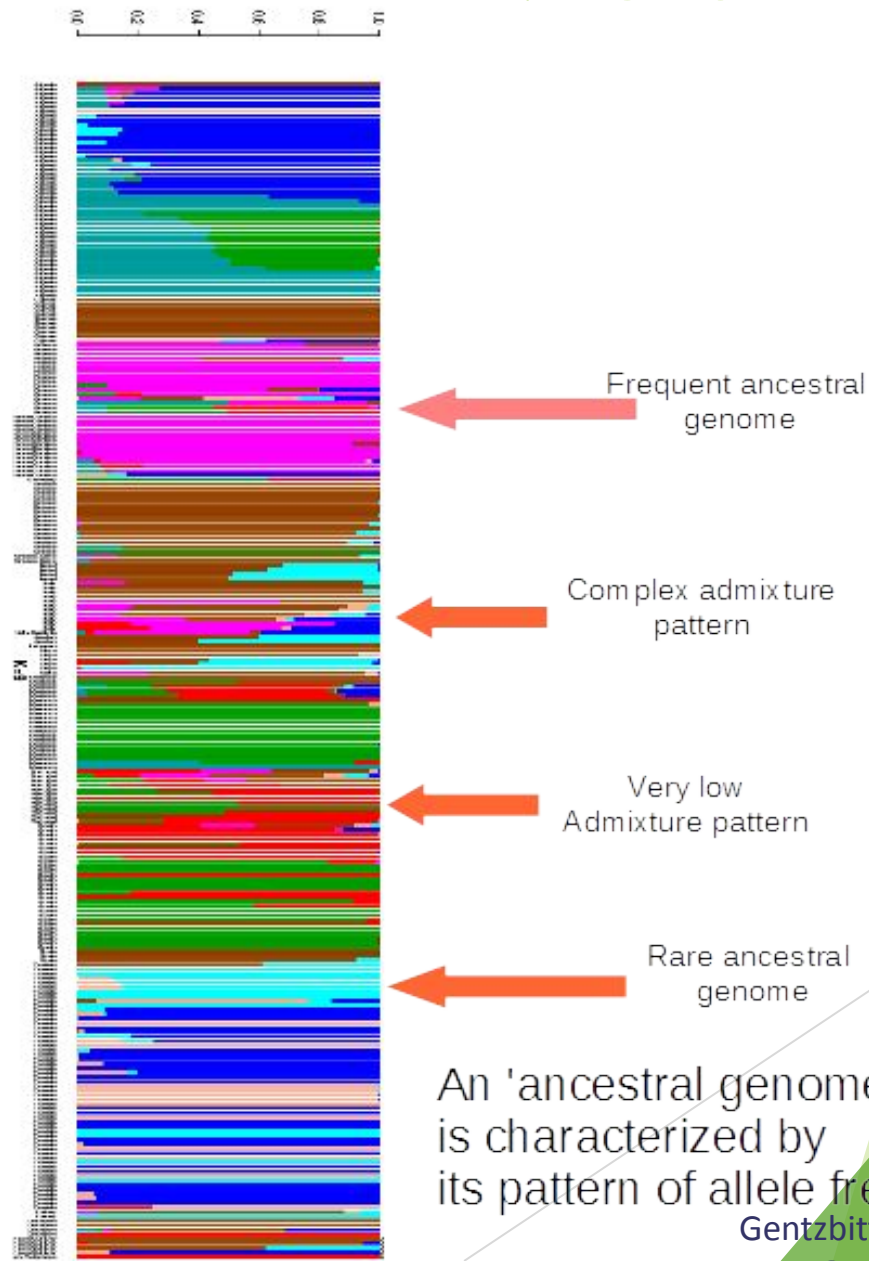
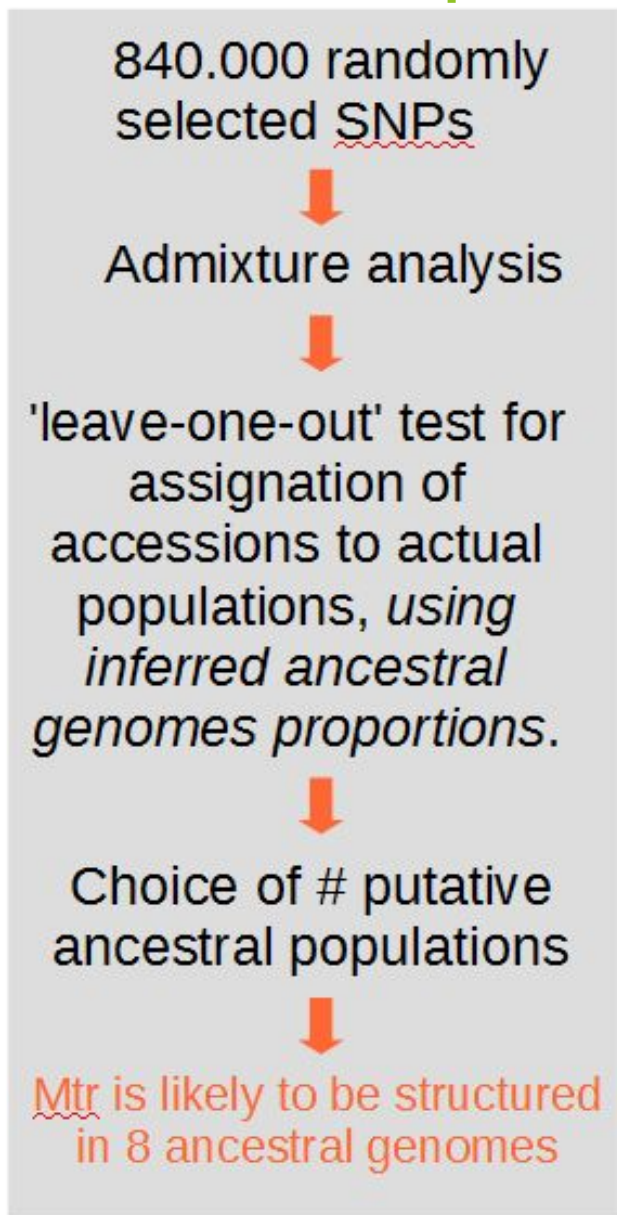


Fig. 2: Predicted distance from true origin for each *M. truncatula* accession using the leave-one-out procedure, for increasing values of K.

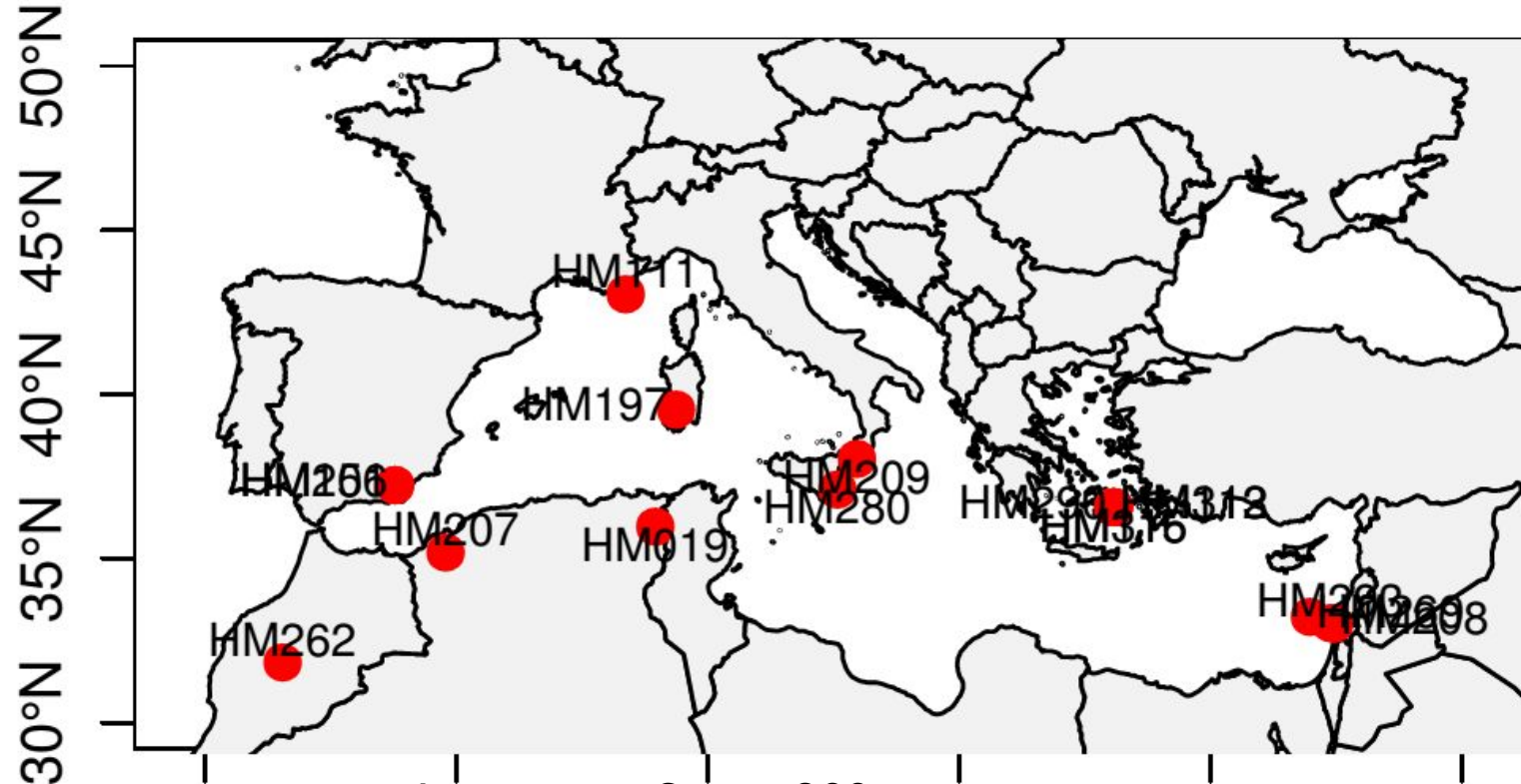
Уточненная популяционная структура видов *Medicago* с использованием алгоритмов Admixture и GPS



An 'ancestral genome' is characterized by its pattern of allele frequencies

Gentzbittel et al., Genome Biol. ,

Предсказано местонахождение 17 неизвестных образцов, включая эталонный геном Jemalong-A17.

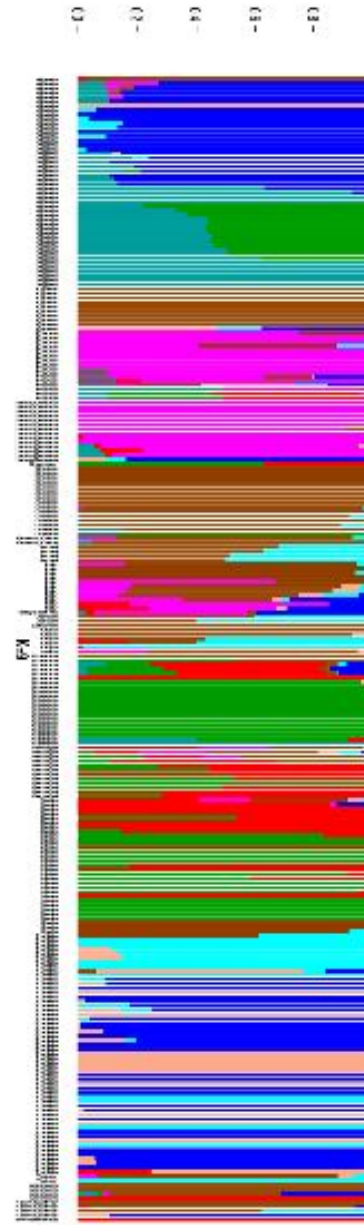
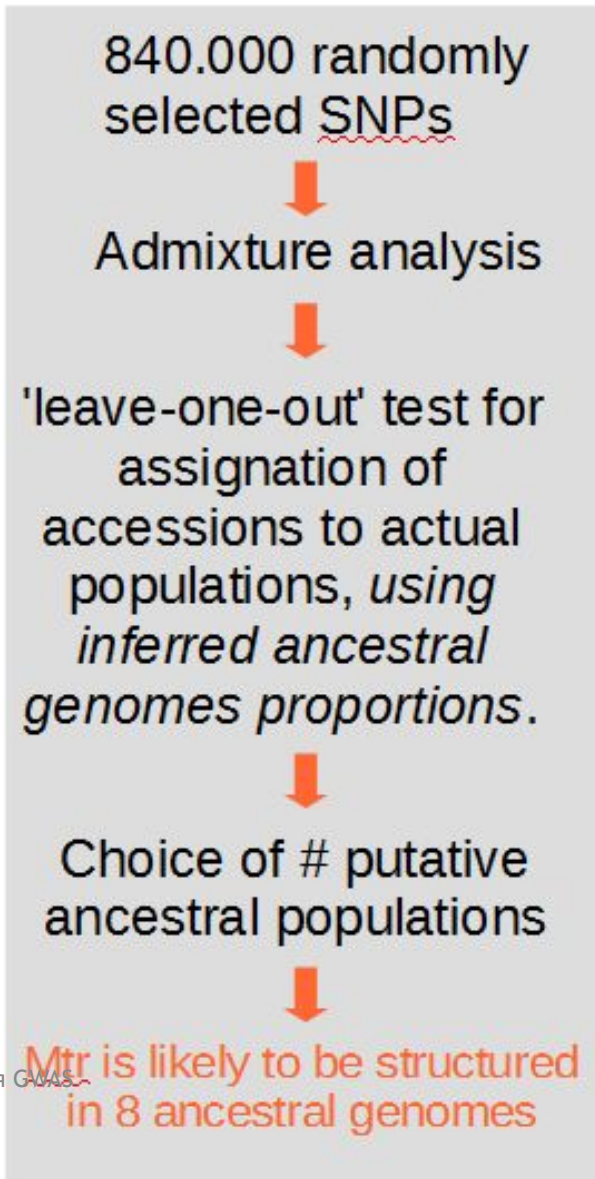


Точность процедуры «Leave-one Out» <300 километров.

Линейная связь между географическими и генетическими расстояниями при $d < 950$ км

($R = 0,8$, значение $p = 10^{-4}$, критерий Мантеля)

Уточненная популяционная структура видов *Medicago* с использованием алгоритмов Admixture и GPS



Is this population structure computed from genetic diversity data consistent with:

- geographical distribution?
- Bioclimatic covariables?
- Other biological covariables?

← Frequent ancestral genome

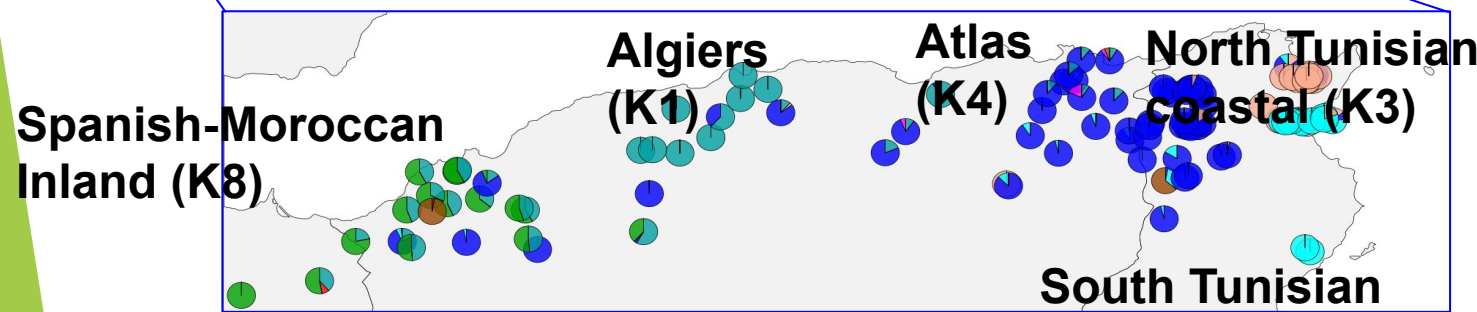
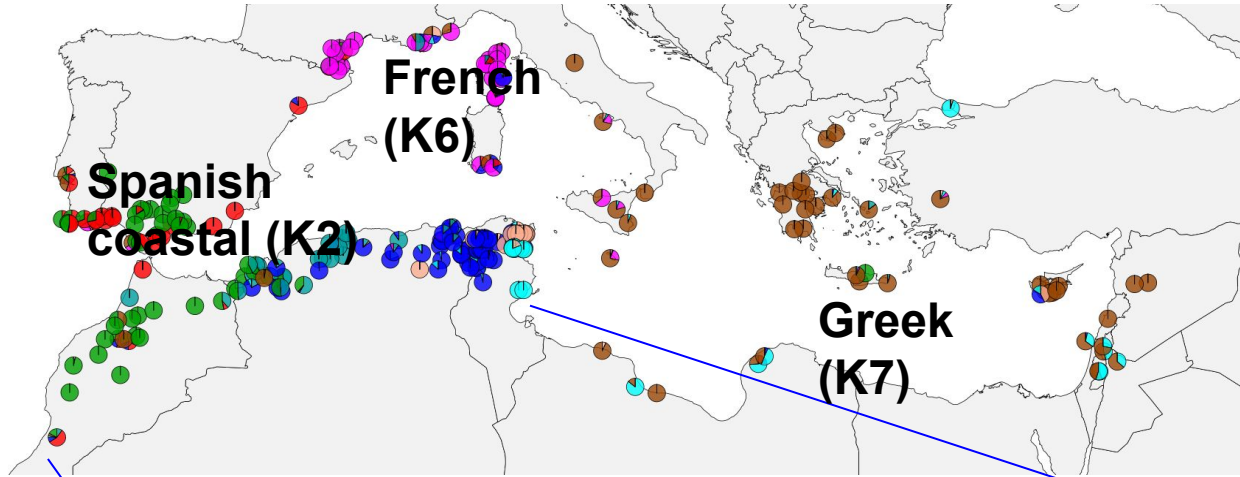
← Complex admixture pattern

← Very low Admixture pattern

← Rare ancestral genome

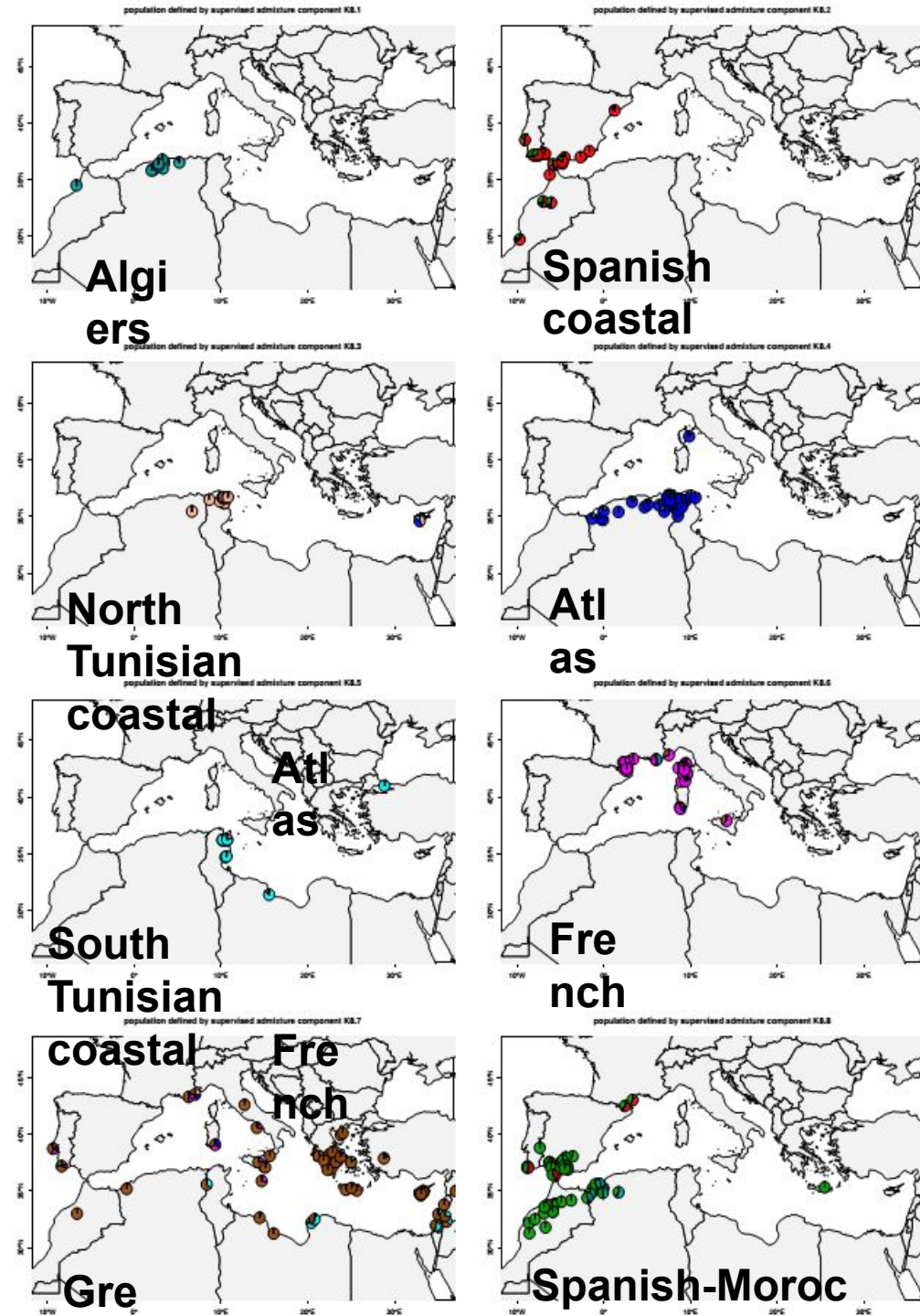
An 'ancestral genome' is characterized by its pattern of allele frequencies

Geographic distribution of the putative 8 ancestral genomes of *M. truncatula*



5 out of 8 populations are

Maghreb as a putative center of diversity for *M. truncatula* species



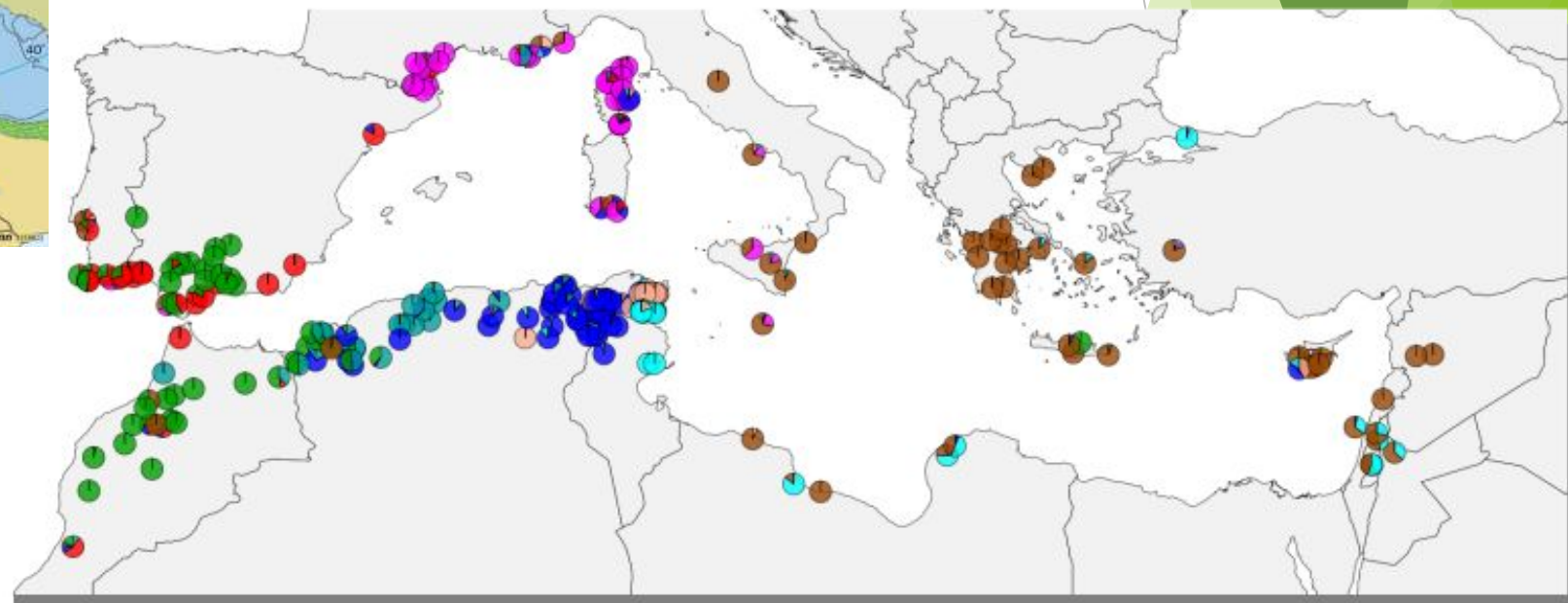
Last glaciations & main glacial refugia may explain *M. truncatula* population structure



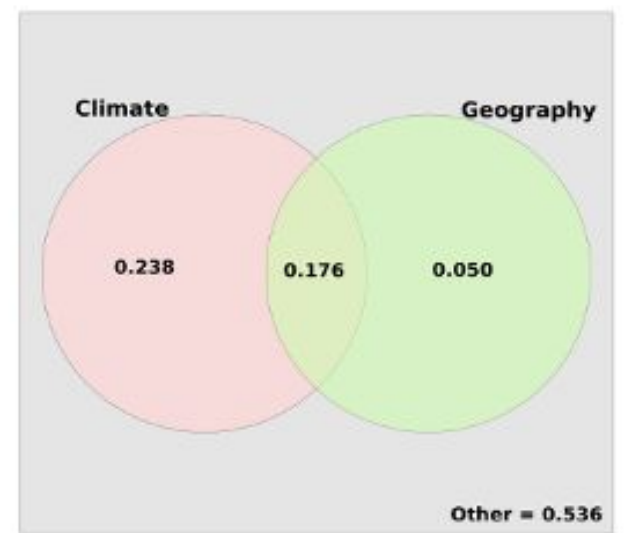
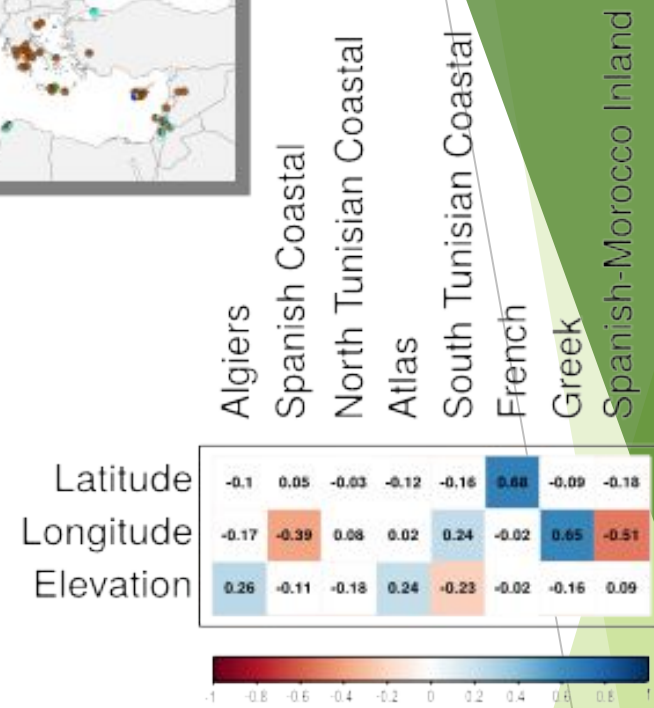
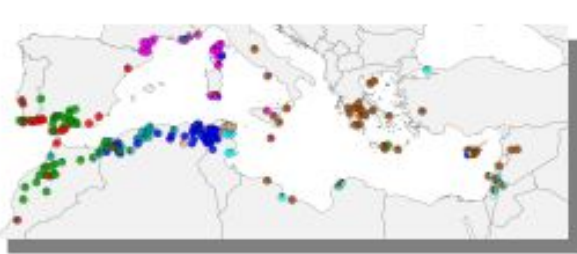
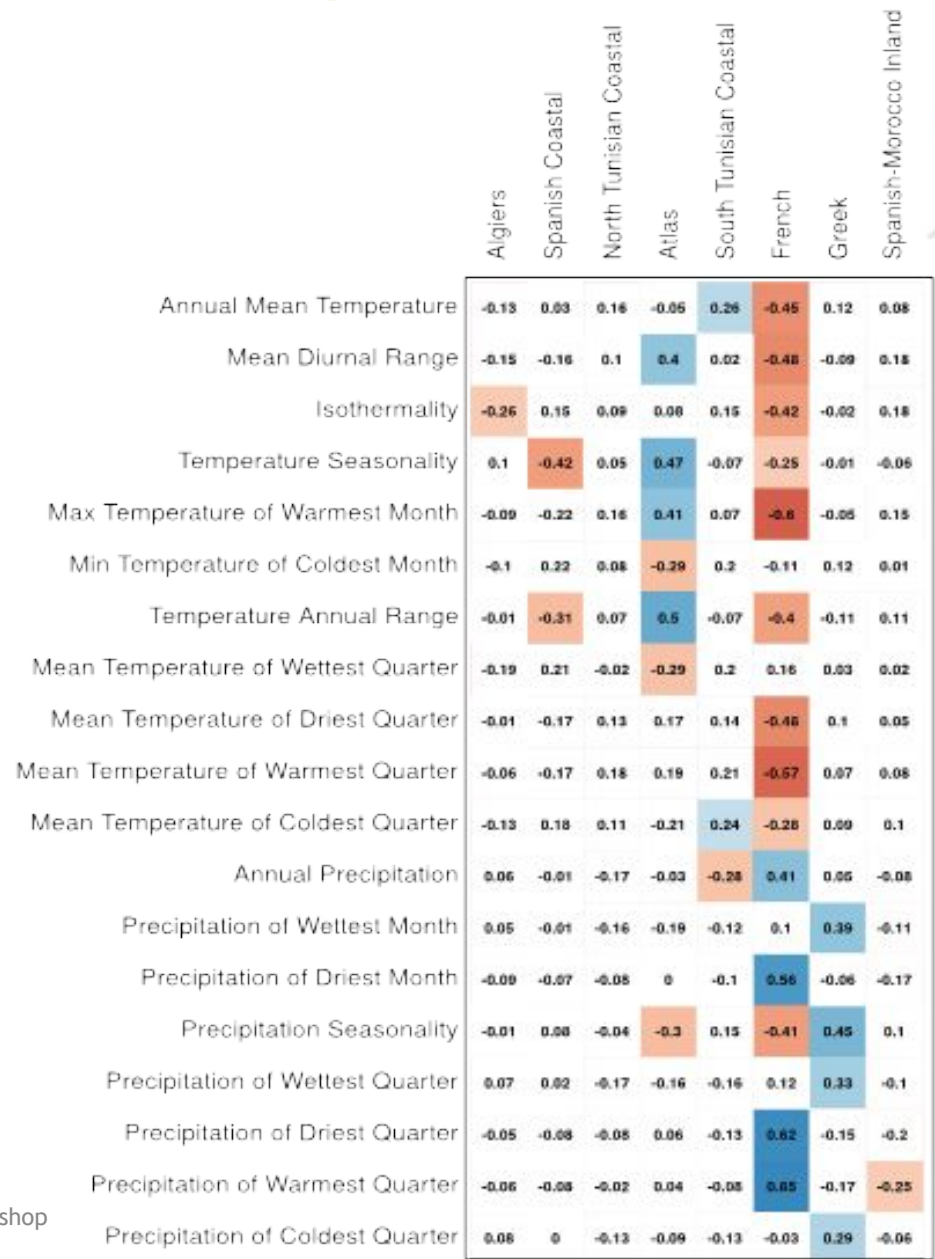
-20.000 BP



Figure 2. Mediterranean basin hot-spots. 1: Canaries and Madeiran archipelagos. 2: High and Middle Atlas Mountains. 3: Baetic-Rifan complex. 4: Maritime and Ligurian Alps. 5: Tyrrhenian islands. 6: Southern and Central Greece. 7: Crete. 8: Anatolia and Cyprus. 9: Syria-Lebanon-Israel. 10: Mediterranean Cyrenaic. The thick line defines the limits of the Mediterranean area.



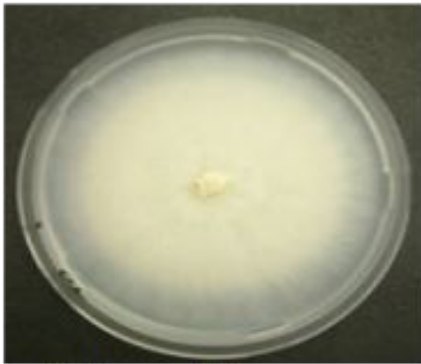
Admixture components are correlated with current conditions



GWAS workshop

Verticillium sp. are soil-borne fungal pathogens for Legumes

- Soil-borne pathogens: Threats difficult to control
- Wilt diseases in more than 300 plant species



Verticillium alfalfae



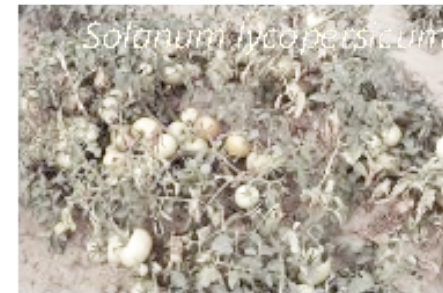
Verticillium wilt in Medicago truncatula



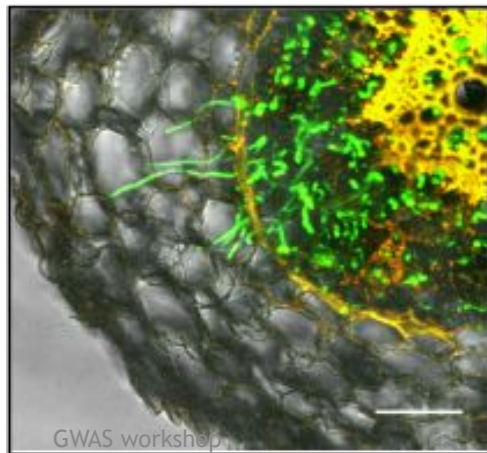
Verticillium wilt in alfalfa



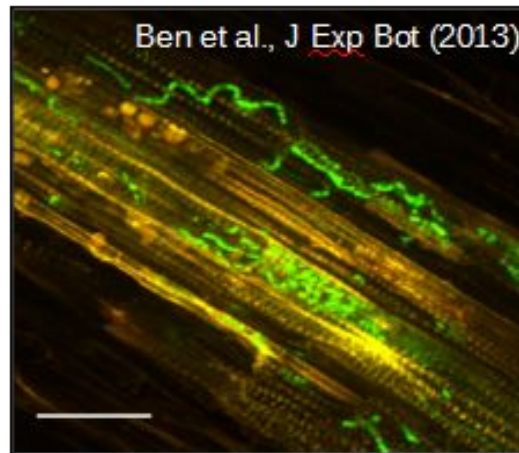
Medicago europaea



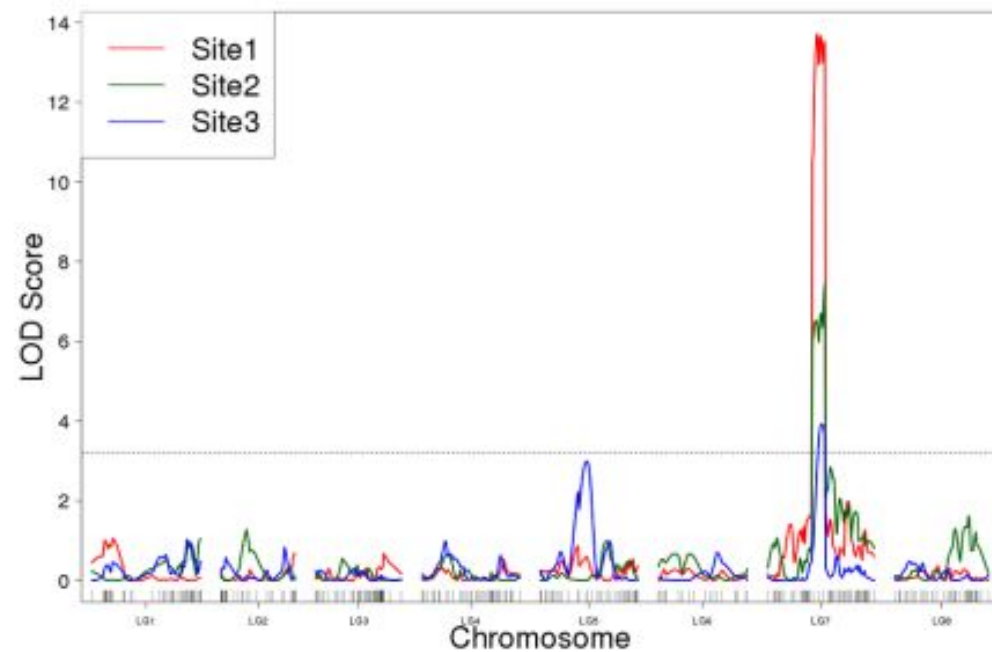
Solanum lycopersicum



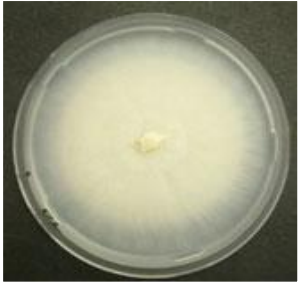
GWAS workshop



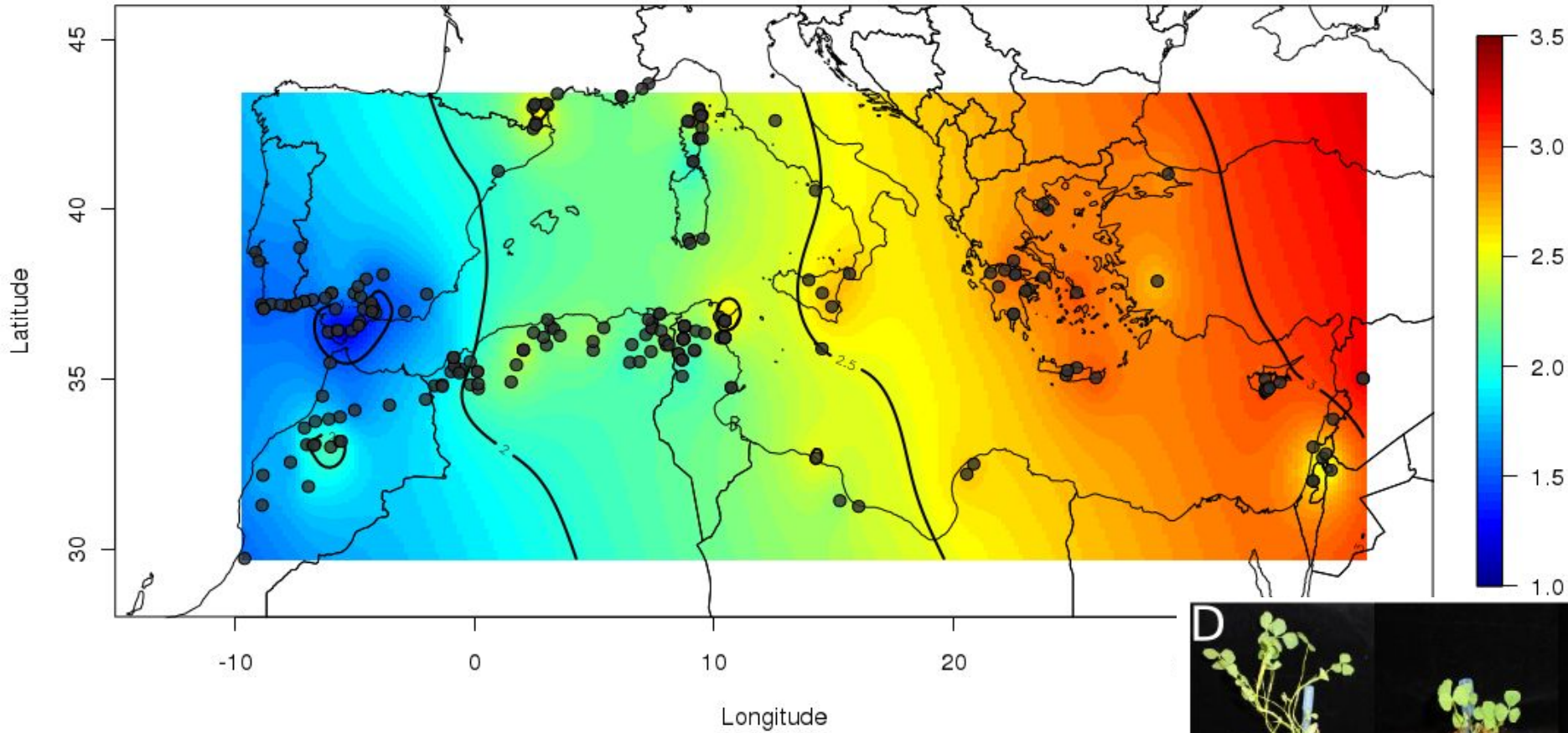
Ben et al., *J Exp Bot* (2013)



Ancestral genomes may present different levels of resistance to Verticillium wilt

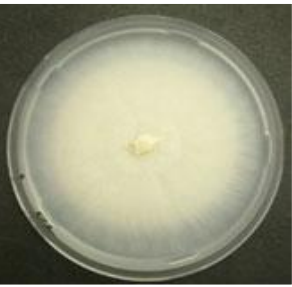


Phenotype MSSCorLS



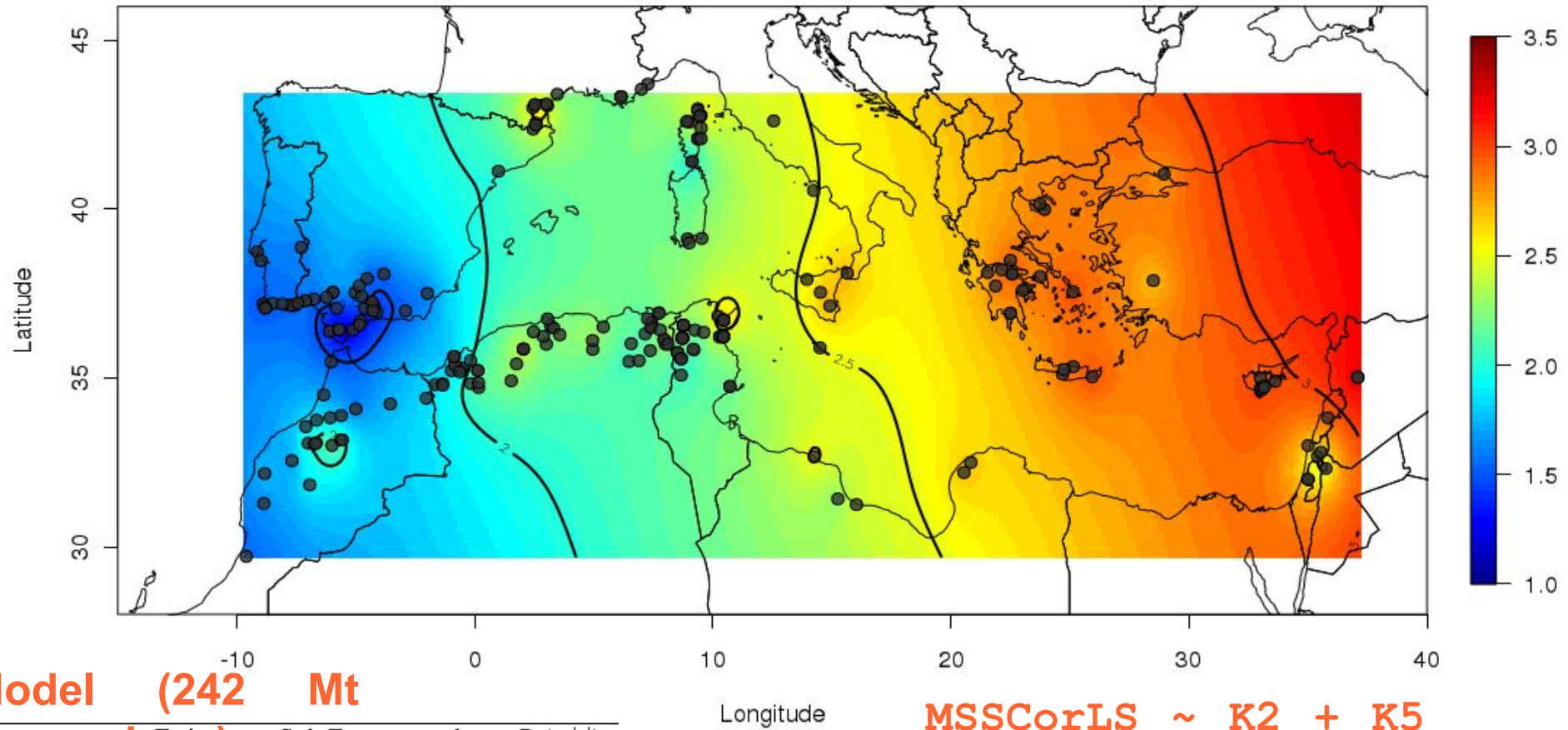
V. alfalfae symptoms on susceptible *M.truncatula*
(Ben *et al.* 2013)





Ancestral genomes present different levels of resistance to Verticillium wilt

Phenotype MSSCorLS



Linear Model (242 Mt HAPMAP accessions)

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
Intercept	2.4541	0.0861	28.50	0.0000
Spanish Coastal	-1.4147	0.2290	-6.18	0.0000
South Tunisian Coastal	-0.7222	0.2367	-3.05	0.0026
Greek	0.6017	0.1636	3.68	0.0003
Spanish-Moroccan Inland	-0.8518	0.1804	-4.72	0.0000

MSSCorLS ~ K2 + K5 + K7 + K8

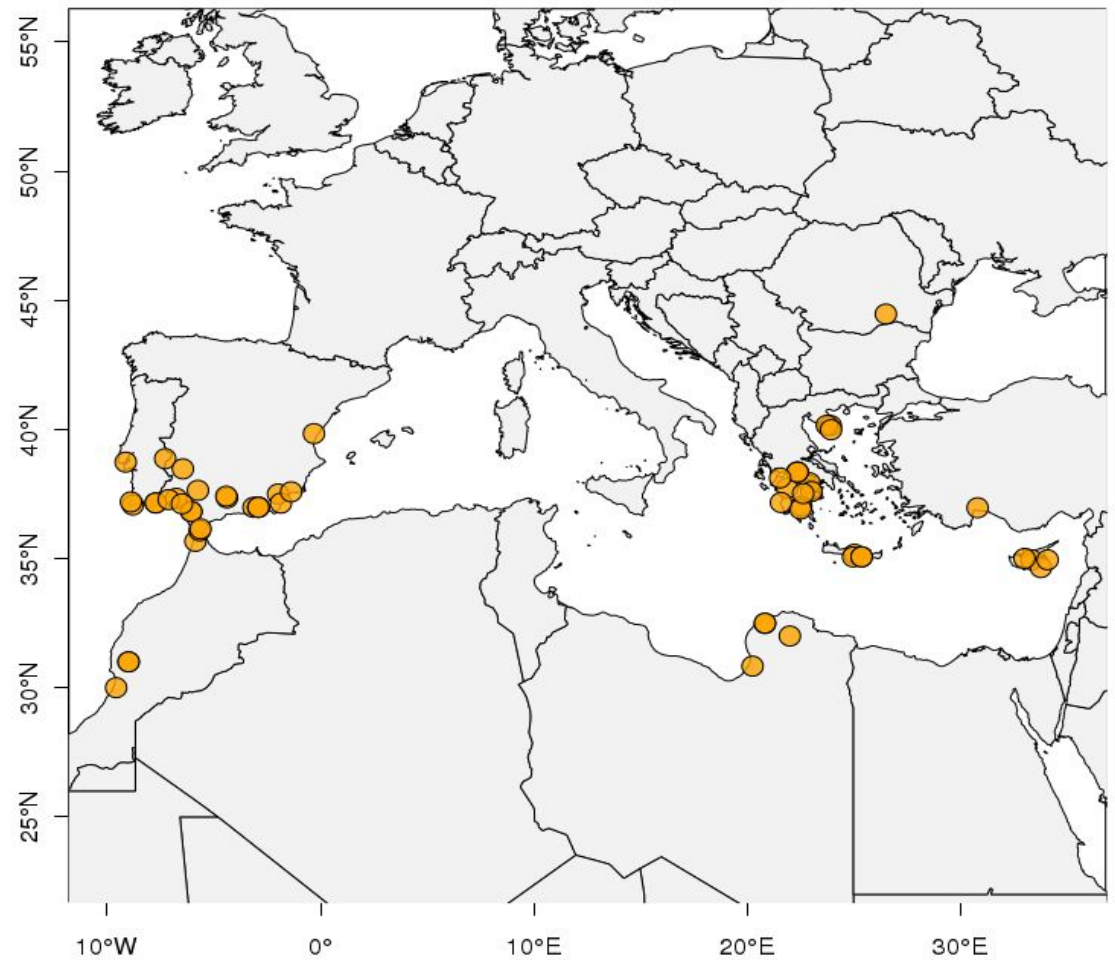
$r^2=0.31$, $P\text{-value} < 2.2 \times 10^{-16}$

Can phenotype be predicted using WhoGem?

- ▶ Use plant model (*Medicago truncatula*) to test applicability of admixture framework to predict phenotypes.
- ▶ GPS was used to predict provenance of 59 unknown *M. truncatula* accessions, and MSS was inferred based on the similarity of admixture profiles to the training set accessions using WhoGem model.
- ▶ *M. truncatula* was infected with *V. alfalfae* and wilting symptoms recorded.
- ▶ MSS (Maximum symptom score) ranges from 0 (healthy) to 4 (dead), 2 threshold.

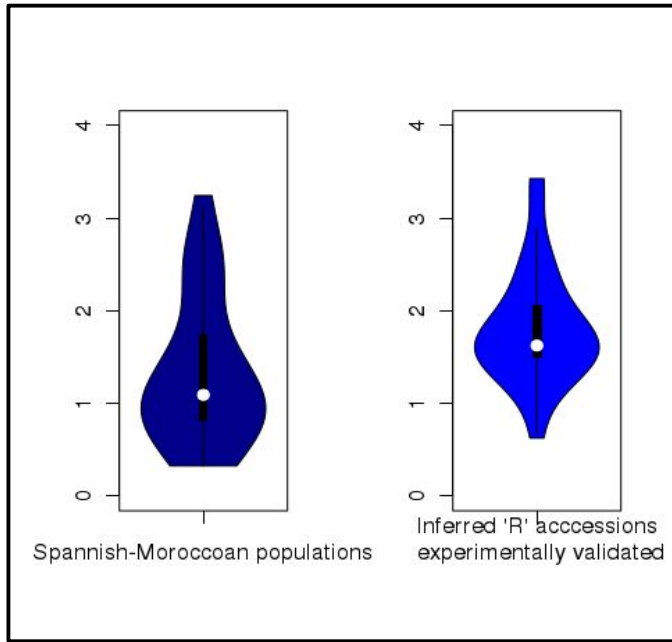


V. alfalfae symptoms on susceptible
M. truncatula (Ben *et al.* 2013)



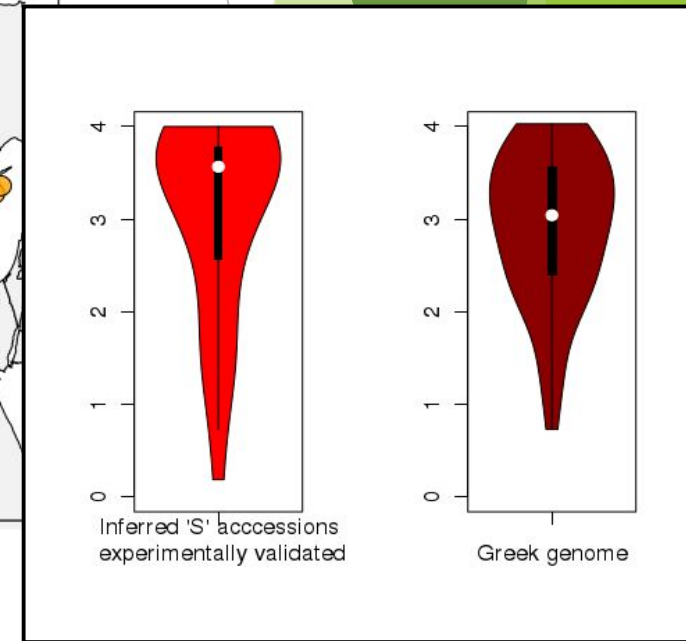
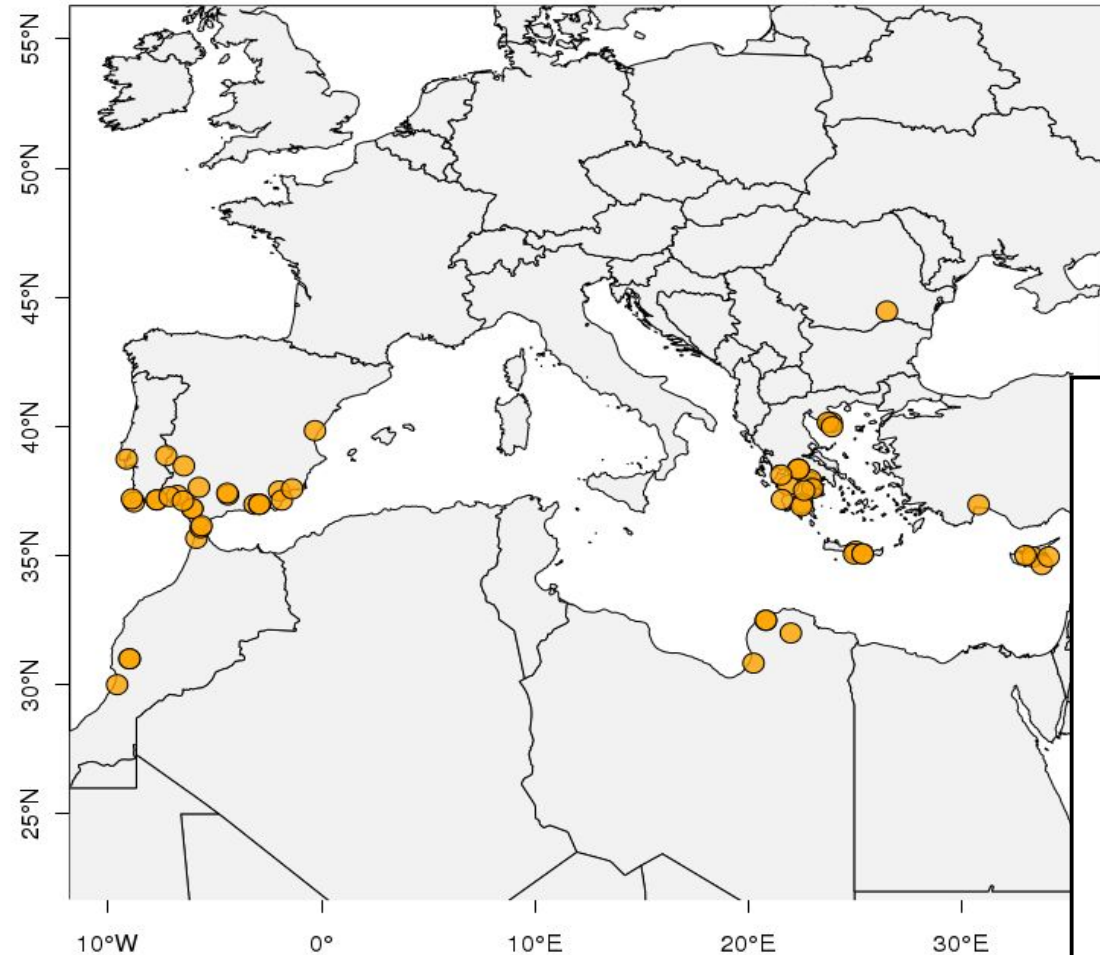
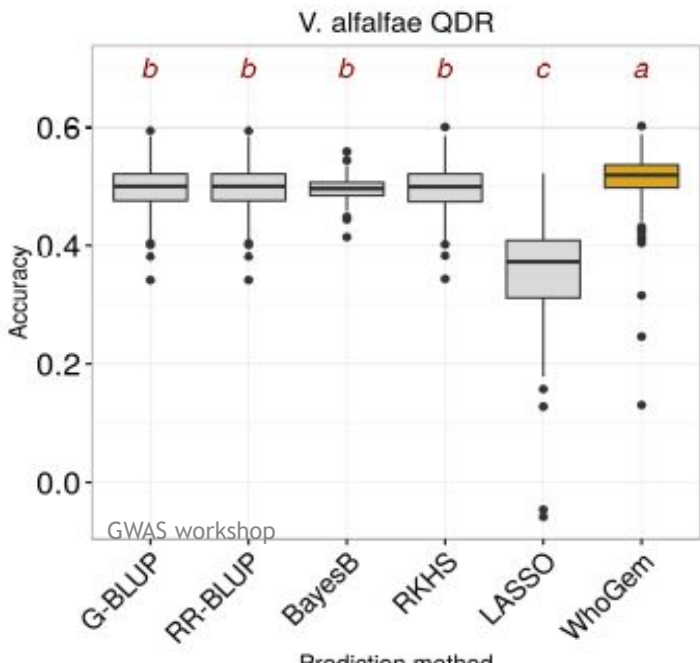
We thank Jean-Marie Prospéri (INRA Montpellier, France) for

Experimental validation of predicted resistance levels

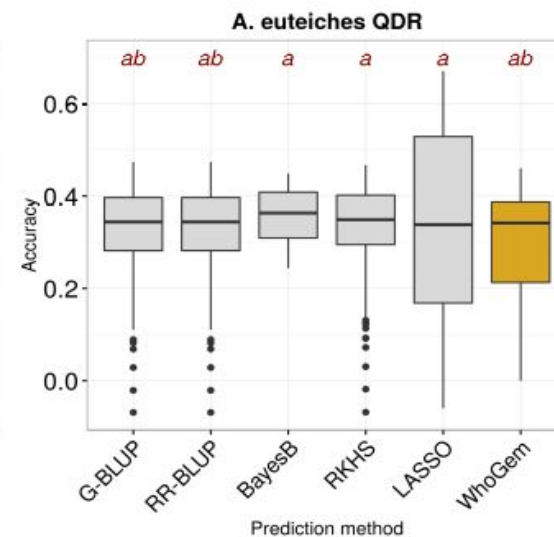
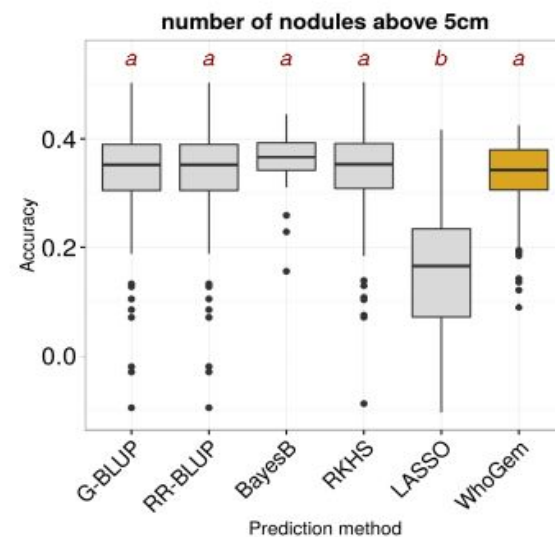
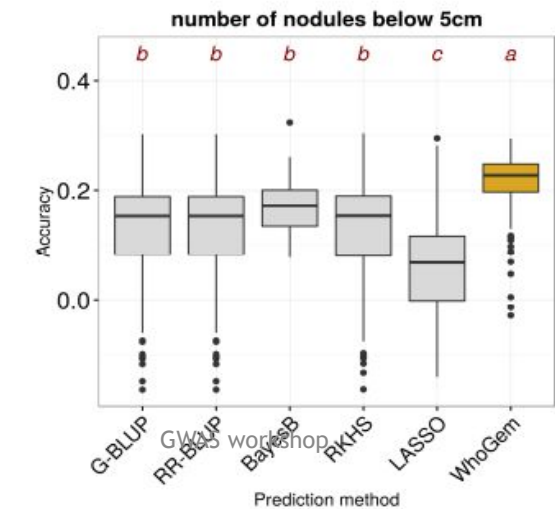
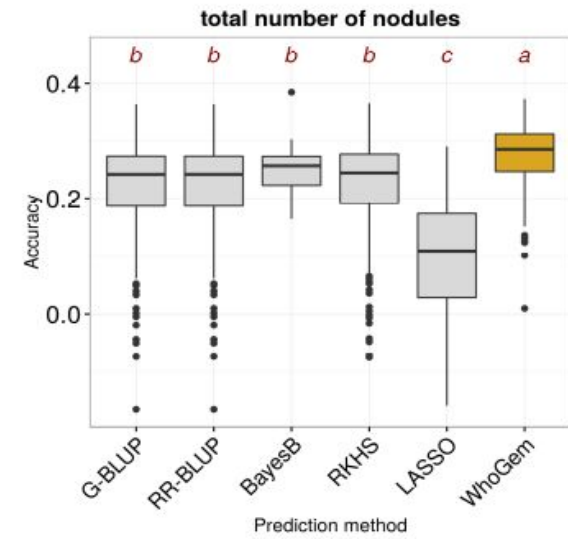
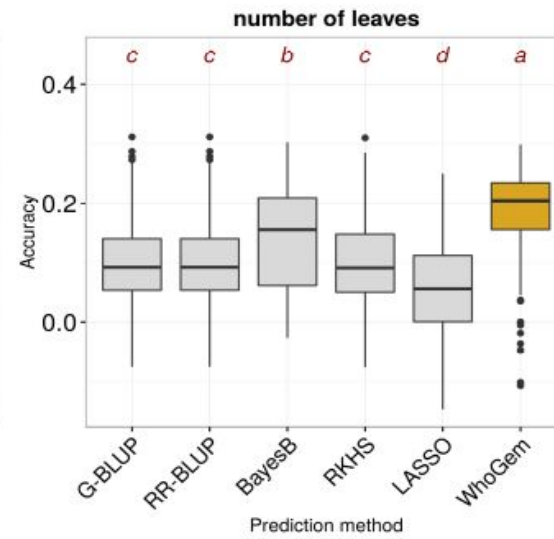
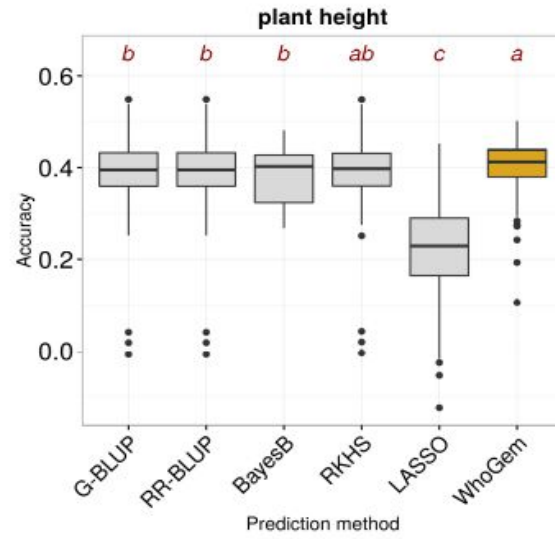
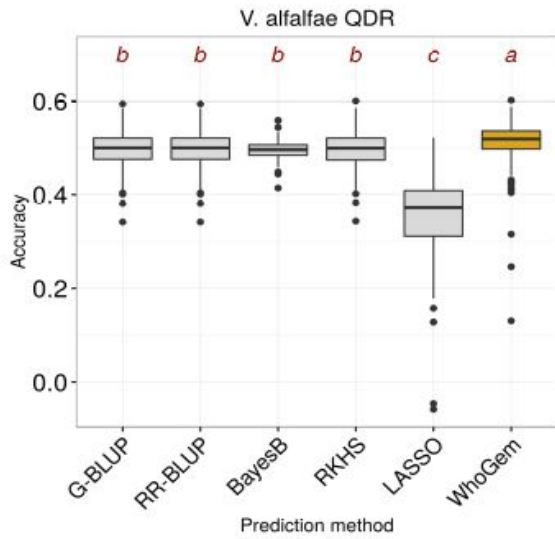


21/29 samples that are predicted to be resistant were resistant
24/30 samples predicted to be susceptible were susceptible

Chi-square P -value = $1.5 \cdot 10^{-4}$



WhoGem models can be significant predictors of quantitative functional traits in plants



Comparisons of accuracy of prediction for several quantitative traits of adaptive relevance in *M. truncatula* using 5 Genomic Selection algorithms and our WhoGEM method. Accuracy is computed using 50 runs of five-fold cross-validation for all methods.

Phenotypic data from:
[Mazurier et al, in preparation](#)
[Stanton-Geddes et al., 2013](#)
[Bonhomme et al., 2013](#)

What is missing?

Distance between two points should not be just geometric distance. Add:

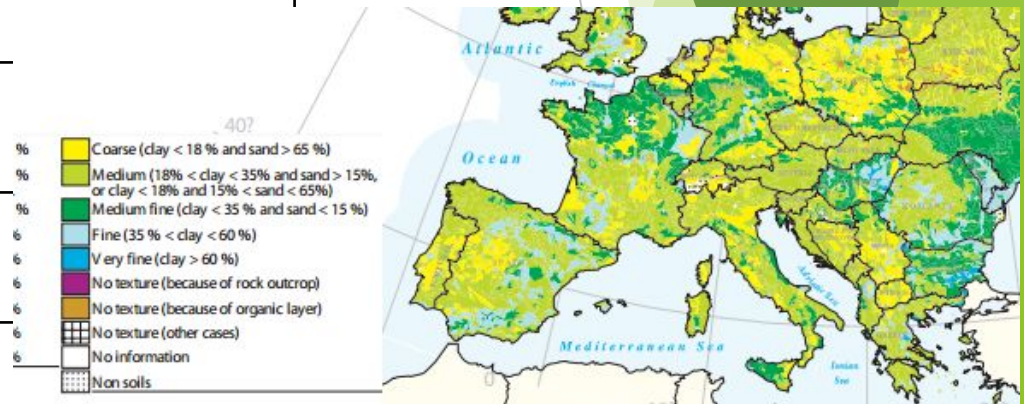
1. Mode of propagation (e.g. Medicago seeds stick to goats)
2. Soil
3. Climate
4. Geography

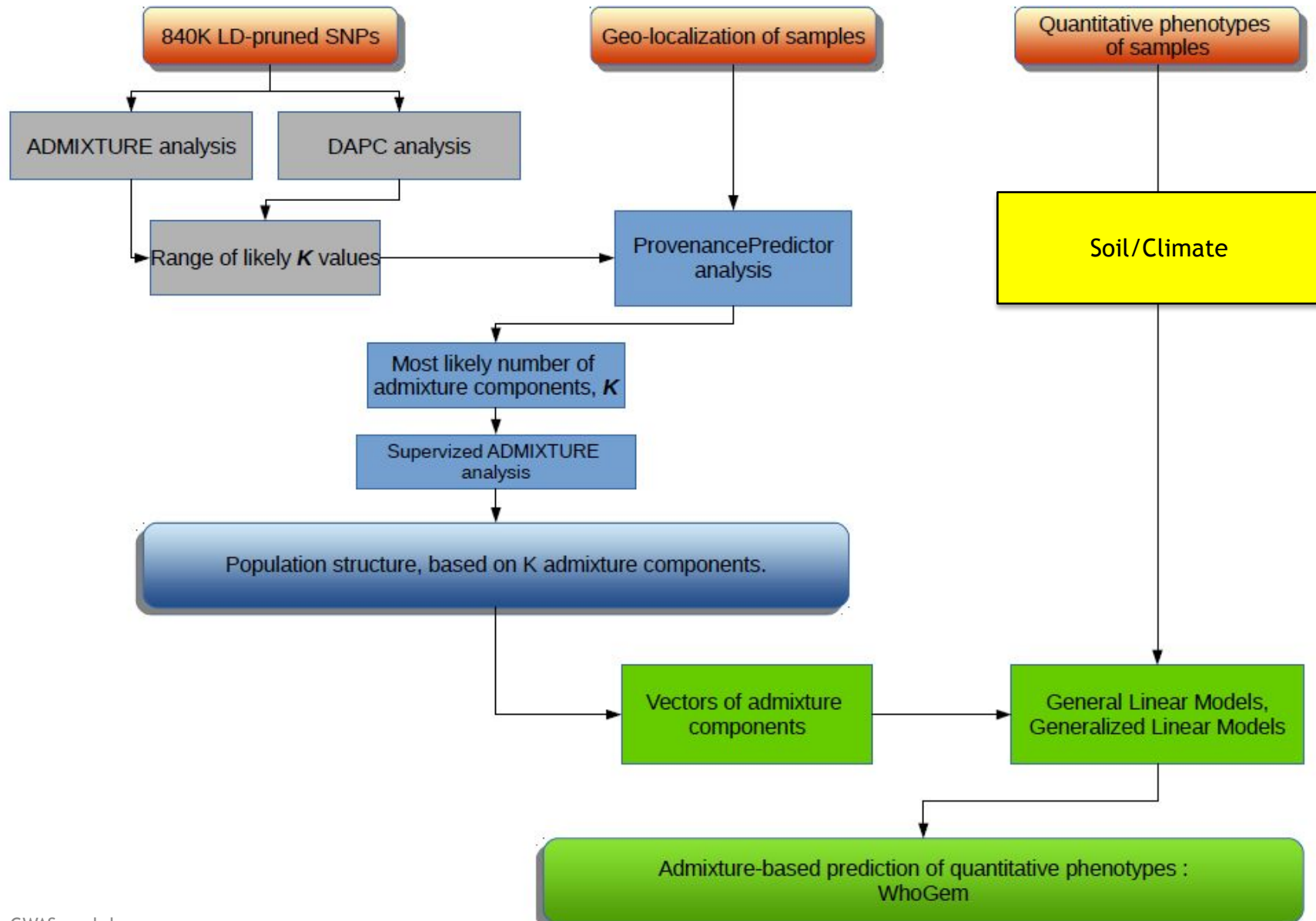


workshop

	MAX correlation	MIN correlation	Positively correlated with	Negatively correlated with
K1	0.42	-0.31	Isothermality	Precipitation of Wettest Quarter
K2	0.42	-0.46	Precipitation in February	Mean Diurnal Range (Mean of monthly (max temp - min temp))
K3	0.40	-0.25	Precipitation in August	Precipitation in March
K4	0.67	-0.40	Precipitation in May / June	Min. temperature in November
K5	0.34	-0.31	Temperature Annual Range	Precipitation in March
K6	0.74	-0.31	Latitude	Precipitation of Wettest Quarter
K7	0.59	-0.51	Temperature Seasonality/Max Temperature in July	Isothermality
K8	0.63	-0.59	Precipitation in December/ January / Coldest Quarter	Longitude

	MAX correlation	MIN correlation	Positively correlated with	Negatively correlated with
K1	0.16	-0.10	material	limiting use factor
K2	0.32	-0.24	Usage/Slope	texture, grain size
K3	0.13	-0.21	limiting use factor	erodibility
K4	0.27	-0.20	soil crusting texture factor	slope
K5	0.15	-0.24	root obstacle depth	erodibility
K6	0.28	-0.52	material	subsurface
K7	0.46	-0.21	slope	Crusting
K8	0.56	-0.27	Texture	slope





Part 2 conclusions

- Large proportion of phenotypic variation between individuals may be best explained by population admixture.
- Variation in genome admixture proportion explains most of phenotypic variation for quantitative functional traits.
- We experimentally confirm the prediction of differences in quantitative disease resistance levels in the wild model legume *Medicago truncatula*.
- Admixture components were found to be significantly related to climate and geography, also positive selection at the species level might not explain current adaptation.
- Phenotypes can be predicted using genome-wide patterns of admixture, when incorporating covariates such as individuals' provenance.
- This insight contributes to the understanding of adaptation, and can accelerate plant and animal breeding, and biomedical research programs.

This methodology may serve as a basis for analyses in other plant species and for other functional quantitative traits of interest.

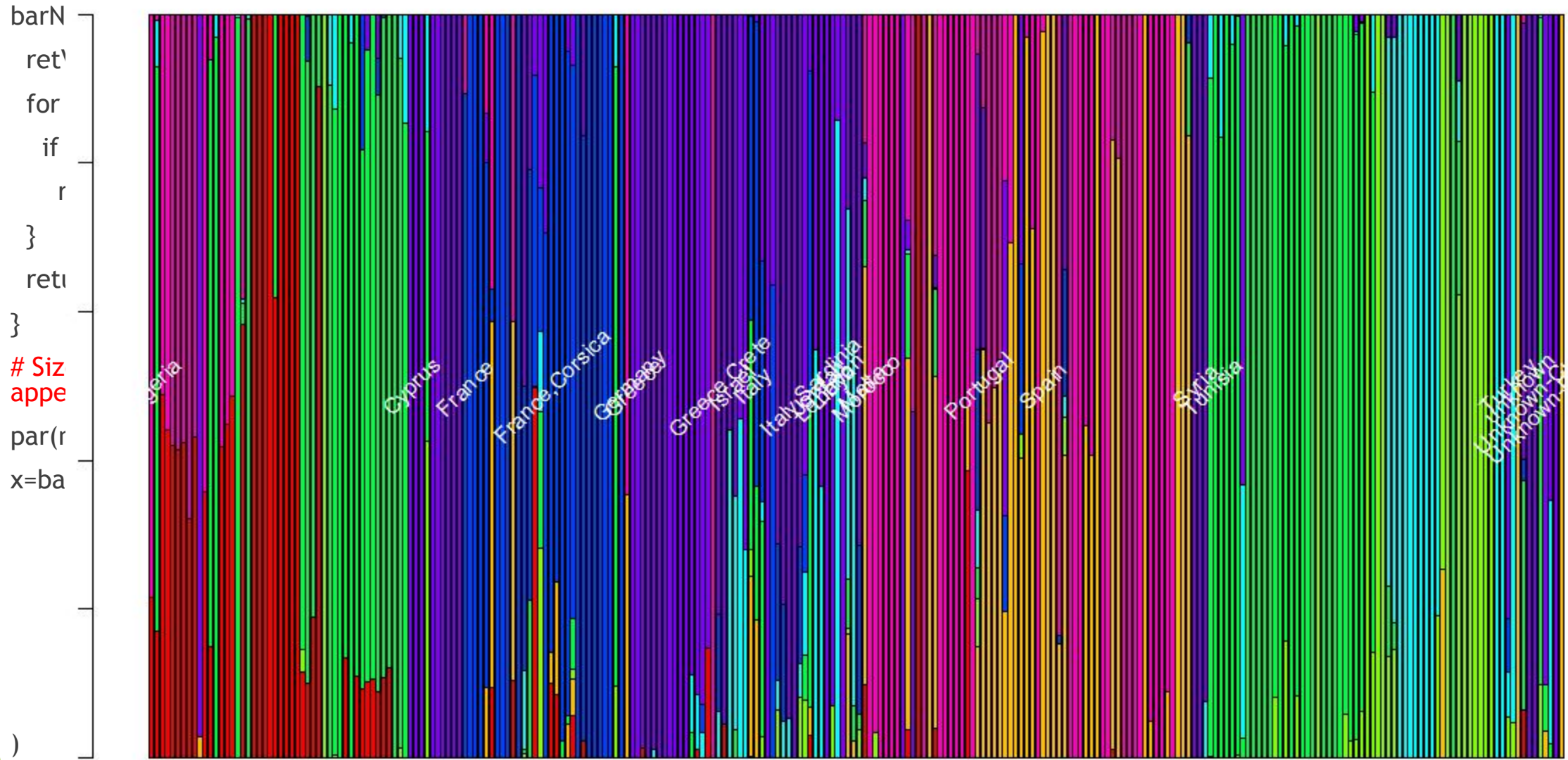
Practice

Admixture.csv

Pheno.csv

```
ADM=read.csv("Admixture.csv",row.names = 1)
```

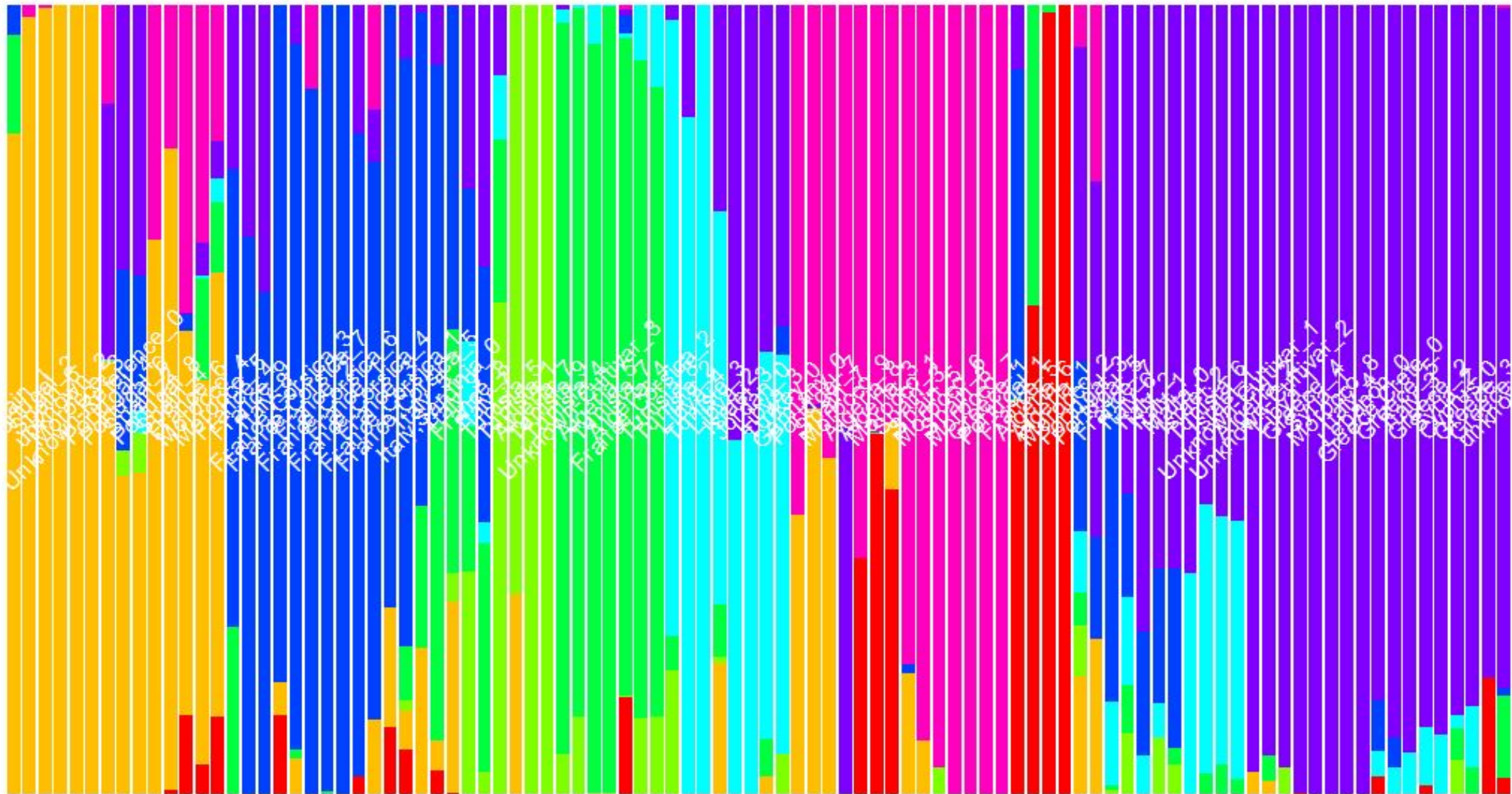
```
# Instruction to name bars:
```



```
text(x=1, y=0.95, label="GWAS workshop", size=10, col="white",
```

Clustered vectors

GWAS workshop



Merge datasets

```
ADM=read.csv('Admixture.csv',row.names = 1); TEST=subset(ADM,  
is.na(ADM$Lat))
```

```
REF=subset(ADM, !is.na(ADM$Lat)); Phen=read.csv('pheno.csv',row.names = 1);  
head(Phen)
```

```
#merge reference adm with pheno
```

```
AMDPH=na.omit(merge(REF, Phen, by='row.names'))
```

DATA=AMDPH[,c(4:6,8:15,17)];
cor(DATA)

	Lat	Long	Elev	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	MSS
Lat	1	-0.1208	-0.08527	-0.0795	0.031188	-0.05421	-0.15353	-0.20474	0.759062	-0.13096	-0.15013	0.031638
Long	-0.1208	1	-0.19809	-0.15237	-0.40834	0.075826	0.004852	0.248445	-0.04453	0.703125	-0.54288	0.39841
Elev	-0.08527	-0.19809	1	0.31451	-0.07847	-0.18658	0.268594	-0.23606	0.001009	-0.18933	0.069882	-0.004
K1	-0.0795	-0.15237	0.31451	1	-0.10838	-0.1018	-0.11645	-0.12181	-0.09978	-0.15409	0.025256	0.030009
K2	0.031188	-0.40834	-0.07847	-0.10838	1	-0.09725	-0.19296	-0.13028	-0.10436	-0.16469	-0.02408	-0.35086
K3	-0.05421	0.075826	-0.18658	-0.1018	-0.09725	1	-0.12727	-0.06539	-0.11848	-0.14095	-0.15113	0.152299
K4	-0.15353	0.004852	0.268594	-0.11645	-0.19296	-0.12727	1	-0.14567	-0.19199	-0.26904	-0.27647	0.056788
K5	-0.20474	0.248445	-0.23606	-0.12181	-0.13028	-0.06539	-0.14567	1	-0.14277	-0.04562	-0.18434	-0.09248
K6	0.759062	-0.04453	0.001009	-0.09978	-0.10436	-0.11848	-0.19199	-0.14277	1	-0.14562	-0.19251	0.086721
K7	-0.13096	0.703125	-0.18933	-0.15409	-0.16469	-0.14095	-0.26904	-0.04562	-0.14562	1	-0.25092	0.343465
K8	-0.15013	-0.54288	0.069882	0.025256	-0.02408	-0.15113	-0.27647	-0.18434	-0.19251	-0.25092	1	-0.30013
MSS	0.031638	0.39841	-0.004	0.030009	-0.35086	0.152299	0.056788	-0.09248	0.086721	0.343465	-0.30013	1

##GPS

```
M=25;
for(i in 1:dim(TEST)[1]){
  Y=TEST[i,7:14];Y
  DIST=c()
  for(j in 1:dim(AMDPH)[1]){
    Z=AMDPH[j,8:15];Z
    d=sum((Y-Z)^2);d
    DIST=c(DIST,d)
  }
  I=order(DIST)[1:M];I
  Ph=AMDPH$MaxSymptomScore[I];Ph
  Dist=DIST[I]+1.E-15;Dist
  w=min(Dist)/Dist;w
  predPh=sum(w*Ph)/sum(w);predPh
  predLat=sum(w*AMDPH$Lat[I])/sum(w);predLat;   predLon=sum(w*AMDPH$Long[I])/sum(w);predLon
  output=paste(row.names(TEST[i,]),TEST$Pop[i],TEST$Country[i],predPh,predLat,predLon, sep=',')
  write.table(output,"GPS_RES.csv",append = T, row.names = F, col.names = F, quote=T)
}
```

Sample	Pop	Country	MSS	Lat	Lon
HM112	SA28097	Cyprus	2.972435	36.44321	26.17896
HM115	Cyprus_C	Cyprus	2.972435	36.44321	26.17896
HM313	PI660408SSD	Cyprus	2.972435	36.44321	26.17896
HM111	SA27192	Italy	2.840499	36.70259	22.93486
HM293	PI660411SSD	Italy	2.609747	36.17789	21.94247
HM197	SA12455	Italy/Sardinia	2.011748	39.83869	7.174536
HM262	PI564941SSD	Morocco	1.728855	36.17965	-5.39374
HM280	D1.2.3	Syria	3.185377	38.69052	23.28353
HM256	PI442895SSD	unknown	0.966927	37.095	-5.132
HM269	PI660470SSD	unknown	2.699733	36.65048	20.22743
HM290	PI577640SSD	unknown	2.972435	36.44321	26.17896
HM316	PI660421SSD	unknown	2.972435	36.44321	26.17896
HM019	Borong	Unknown-Cultivar	2.887806	36.3135	8.496228
HM207	Caliph	Unknown-Cultivar	3.182311	36.43172	24.90595
HM208	Paraggio	Unknown-Cultivar	2.134387	33.83131	26.18263
HM209	Sephi	Unknown-Cultivar	2.972435	36.44321	26.17896
HM101	A17_Varma	Unknown-Reference	0.966927	37.095	-5.132

#GLM

```
library(lmtest); library(dplyr); library(car); library(rcompanion)
```

#set up formulas

```
formula=formula(MaxSymptomScore~K1+K2+K3+K4+K5+K6+K7+K8)
```

```
formula0=MaxSymptomScore ~ 1
```

#initialize models

```
model.null = glm(formula0, data=AMDPH); summary(model.null)
```

```
model.full = glm(formula, data=AMDPH); summary(model.full )
```

#perform stepwise reduction

```
S=step(model.null, scope = list(upper=model.full), direction="both", test="Chisq", data=AMDPH)
```

```
summary(S)
```

#final model

```
model.final = glm(S$formula, data=AMDPH);model.final
```

```
summary(model.final)
```

```
AMDPH$predy = predict.glm(model.final, newdata = AMDPH, type="response" )
```

Collaborations and funding

Laurent Gentzbittel, Ecolab, Toulouse, France/Skoltech, Moscow, Russia

Nevin Young's lab, Univ. of Minnesota, USA

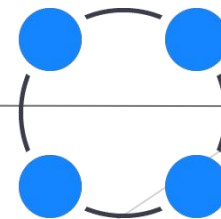
Sergey Nuzdhin's lab, USC, USA

Chris Town's lab, JCVI, USA

Mounawer Badri & Naceur Djebali, CBBC, Tunisia

Jean-Marie Prospéri, INRA Mauguio, France

Nick Alexandrov & Dmitro Chebotarov, IRRI, Philippines



**ИНСТИТУТ
БИОИНФОРМАТИКИ**

