

Genetische Statistik

Präsenzübung 5: Statistische Konzepte in der Genetik

Dr. Janne Pott (janne.pott@uni-leipzig.de)

November 30, 2021

Fragen

Gibt es Fragen zu

- Vorlesung?
- Übung?
- Seminar?

Plan heute

Besprechung von

- Blatt 3 - A3 & A4 (HWE, LD)

Anschließend / Falls noch Zeit

- Blatt 3 - A2 (PCA)
- Zusatzaufgabe zu PCA in R

Abschnitt 1

Hardy-Weinberg-Gleichgewicht

Aufgabe 3: Hardy-Weinberg-Gleichgewicht

Genotyp	AA	AB	BB	Missings
Anzahl	824	1326	463	87

- a) Allelfrequenzen p und q von A und B.
- b) HWE und erwartete Genotypfrequenzen.
- c) Testen Sie H_0 : Die beobachteten Häufigkeiten der Genotypen sind im HWE (Signifikanzniveau von 5%).
- d) Warum ist das HWE in der genetischen Statistik relevant?

Aufgabe 3: Hintergrund (1)

- Welche Verteilungsannahme treffen wir hier?
- Was wissen wir damit über den Erwartungswert von Allel B?
- Welche Art Schätzung nimmt man bei den Allelfrequenzen vor?

Aufgabe 3: Hintergrund (1)

- Welche Verteilungsannahme treffen wir hier?
→ Binomialverteilung
- Was wissen wir damit über den Erwartungswert von Allel B?
→ $E(B) = n \cdot q \rightarrow q = \frac{E(B)}{n}$
→ n ist die Anzahl aller Allele
- Welche Art Schätzung nimmt man bei den Allelfrequenzen vor?
→ $\hat{q} = \frac{k}{n} = \frac{\#B\text{-Allele}}{\#Allele} = \frac{2 \cdot \#BB + \#AB}{2 \cdot N} = \frac{\#BB + 0.5 \cdot \#AB}{N}$
→ $N = 0.5 \cdot n$ ist die Anzahl aller Samples
→ Maximum-Likelihoodschätzer (erwartungstreu)

Aufgabe 3: Lösung (1)

$$N_0 = 824 + 1326 + 463 + 87 = 2700$$

$$N_1 = 824 + 1326 + 463 = 2613$$

Nur die Samples mit bestimmten Genotyp werden weiter berücksichtigt!

$$\hat{p} = \frac{(2 \cdot \#AA + \#AB)}{2 \cdot N_1} = 0.569, \hat{q} = 1 - \hat{p} = 0.431$$

Aufgabe 3: Hintergrund (2)

Punnett-Quadrat = Rekombinationsquadrat

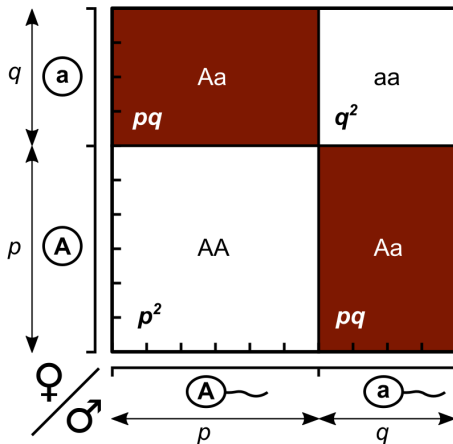


Abbildung 1: Punnett-Quadrat. Länge von p und q entsprechen den Allelfrequenzen. Die Fläche der Rechtecke entsprechen der Genotypfrequenzen.
Aus Wikipedia

Aufgabe 3: Lösung (2)

Im HWE gilt:

$$1 = p + q = (p + q)^2 = p^2 + 2pq + q^2 = p_{exp}(AA) + p_{exp}(AB) + p_{exp}(BB)$$

Genotyp	AA	AB	BB	Missings
Anzahl	824	1326	463	87
p_{obs}	0.315	0.507	0.177	
p_{exp}	0.324	0.490	0.186	

AF der Eltern muss nicht gleich sein der AF der Kinder, aber alle zukünftigen Generationen haben die AF der Kinder (Gleichgewicht)

Aufgabe 3: Hintergrund (3)

Alle HWE-Annahmen (“ideale Population”):

- Diploide Organismen
- Nur geschlechtliche Vermehrung
- Keine Überlappung der Generationen
- Zufällige Paarung
- Unendliche Populationsgröße
- Allelfrequenzen sind in beiden Geschlechtern gleich
- Keine Migration, Gendrift, Mutation, oder Selektion

Aufgabe 3: Hintergrund (3)

Alle HWE-Annahmen (“ideale Population”):

- Diploide Organismen
- Nur geschlechtliche Vermehrung
- Keine Überlappung der Generationen
- Zufällige Paarung
 - z.B. bei Zucht verletzt → Erhöhter Anteil von Homozygoten
- Unendliche Populationsgröße
 - zufällige Änderung in AFs durch kleine Fallzahl → Gendrift
- Allelfrequenzen sind in beiden Geschlechtern gleich
- Keine Migration, Gendrift, Mutation, oder Selektion
 - Selektion: schnelle und absolute Änderung der AF ($p=1$)
 - Mutation: schwache Änderung der AF
 - Migration: AF mehr homogen (tw. auch nicht-zufällige Paarung)

Aufgabe 3: Lösung (3)

Hinweis: Weiterrechnen mit den gerundeten Werten!

Um die Hypothese zu testen, muss das χ^2 bestimmt werden:

$$\chi^2 = N_1 \sum \frac{(p_{obs} - p_{exp})^2}{p_{exp}} = 3.33$$

Da $m = 2$ Allele betrachten werden, haben wir einen Freiheitsgrad:

$$df = \frac{m(m-1)}{2} = \frac{2 \cdot 1}{2} = 1 \rightarrow \chi_1^2 = 3.841$$

$$\chi^2 = 3.33 < 3.841 = \chi_1^2$$

Die Nullhypothese kann nicht abgelehnt werden.

Aufgabe 3: Lösung (4)

Tabelle 3: Erwartete vs beobachtete Genotyphäufigkeit

	AF(A)	AF(B)	AA	AB	BB
expected	NA	NA	0.3238494	0.4904565	0.185694
expected - rd	NA	NA	0.3240000	0.4900000	0.186000
observed	0.5690777	0.4309223	0.3153463	0.5074627	0.177191
observed - rd	0.5690000	0.4310000	0.3150000	0.5070000	0.177000

Aufgabe 3: Lösung (5)

```
qchisq(p = 0.95, df = 1)
```

```
## [1] 3.841459
```

Tabelle 4: Ergebnis Chi-Quadrat-Test

Chi ²	P-Wert	Signifikant?
3.141593	0.0763192	FALSE
3.332306	0.0679316	FALSE

In echten Genotypdaten kann eine Abweichung vom HWE ein Anzeichen für einen Genotypisierungsfehler sein.

Abschnitt 2

Linkage disequilibrium

Aufgabe 4: Linkage disequilibrium

	SNP 1 Allel A	SNP 1 Allel a
SNP 2 Allel B	u	v
SNP 2 Allel b	v	u

- a) Randverteilung, Interpretation
- b) Zeigen Sie, dass für t gilt: $D'(t) = r(t) = Y(t)$
- c) Ab welchem u würde der LD-Threshold von 0.5 überschritten?

EUR	rs8176747-C	rs8176747-G
rs8176719-T	609	0
rs8176719-TC	312	85
AFR	rs8176747-C	rs8176747-G
rs8176719-T	891	42
rs8176719-TC	207	182

- d) Randverteilung, absoluten \rightarrow relative Häufigkeiten
- e) Berechnung D' und r^2 und Interpretation

Aufgabe 4: Hintergrund (1)

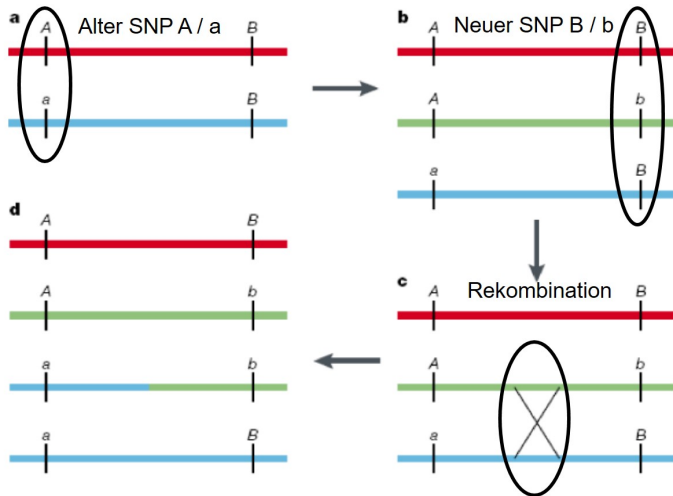


Abbildung 2: Entstehung von LD. Aus Diplomarbeit von Karsten Krug

Volle Kombinatorik führt zur schrittweise Verringerung von LD

Aufgabe 4: Lösung (1)

	SNP 1 Allel A	SNP 1 Allel a	Total
SNP 2 Allel B	$u=p_{00}$	$v=p_{01}$	$u+v = p_{0.}$
SNP 2 Allel b	$v=p_{10}$	$u=p_{11}$	$u+v = p_{1.}$
	$u+v = p_{.0}$	$u+v = p_{.1}$	1

Interpretation:

- Der Haplotyp **AB** ist genauso häufig wie **ab**.
- $2 \cdot (u + v) = 1 \rightarrow u + v = 0.5 = p(A) = p(b) = p(B) = p(b)$, d.h. alle Allelfrequenzen sind gleich.

Aufgabe 4: Lösung (2)

$$D = p_{00} - p_{0\cdot}p_{\cdot 0} = u - (u + v)^2 = u - 0.25$$

$$r(t) = \frac{D}{\sqrt{p_{0\cdot}p_{1\cdot}p_{\cdot 0}p_{\cdot 1}}} = \frac{D}{\sqrt{(u + v)^4}} = \frac{D}{(u + v)^2}$$

$D_{\max} = (u + v)^2$, weil alle Produkte gleich sind

$$D'(t) = \frac{D}{D_{\max}} = \frac{D}{(u + v)^2}$$

$$\lambda = \frac{u^2}{v^2} \text{ und } u + v = 0.5 \rightarrow v = 0.5 - u$$

$$Y(t) = \frac{\frac{u}{v} - 1}{\frac{u}{v} + 1} = \frac{u - v}{v} \cdot \frac{v}{u + v} = \frac{u - v}{u + v} = \frac{(u + v)(u - v)}{(u - v)^2}$$

$$\Rightarrow (u - v)(u + v) = 0.5(u - 0.5 + u) = 0.5(2u - 0.5) = u - 0.25 = D$$

Aufgabe 4: Lösung (3)

$$r(t) = 0.5 = \frac{D}{(u + v)^2} = \frac{u - 0.25}{0.25} \Leftrightarrow u = 0.5 \cdot 0.25 + 0.25 = 0.375$$

Wenn $u \geq 0.375$ wird $r(t) \geq 0.5$.

Aufgabe 4: Hintergrund (2)

Tabelle 5: Recherche zu den zwei SNPs rs8176719 und rs8176747 aus dem ersten Übungsblatt.

Kriterium	rs8176719	rs8176747
Chromosom	9	9
Basenposition	133257521 (hg19)	133255928 (hg19)
Allele	-/G (-Strang)	G/C (-Strang)
MAF	0.349	0.123
Gen	<i>ABO</i> Gen (-Strang)	<i>ABO</i> Gen (-Strang)
Auswirkung	Deletion	AS-Tausch
	Frameshift	G -> Blutgruppe A möglich
	inaktives Protein	C -> Blutgruppe B möglich
	D-Galaktose bleibt frei	
	Blutgruppe 0 möglich	

Aufgabe 4: Hintergrund (3)

- Vater mit Haplotypen (-;C) und (G;G) \rightarrow Blutgruppe A0
- Mutter mit Haplotypen (G;G) und (G;G) \rightarrow Blutgruppe AA
- Welche Blutgruppen können die Kinder haben?

Aufgabe 4: Lösung (4)

EUR	rs8176747-C	rs8176747-G	Total
rs8176719-T	609 (0.605)	0 (0)	609 (0.605)
rs8176719-TC	312 (0.3105)	85 (0.0845)	397 (0.395)
	921 (0.9155)	85 (0.0845)	1006 (1)
AFR	rs8176747-C	rs8176747-G	Total
rs8176719-T	891 (0.674)	42 (0.032)	933 (0.706)
rs8176719-TC	207 (0.157)	182 (0.137)	389 (0.294)
	1098 (0.831)	224 (0.169)	1322 (1)

Aufgabe 4: Lösung (5)

$$D = p_{00} - p_{0\cdot}p_{\cdot 0}$$

$$D_{EUR} = 0.605 - 0.605 \cdot 0.9155 = 0.051$$

$$D_{AFR} = 0.674 - 0.706 \cdot 0.831 = 0.087$$

$$D_{max} = \min(p_{0\cdot}p_{\cdot 1}, p_{\cdot 0}p_{1\cdot})$$

$$D_{max,EUR} = \min(0.605 \cdot 0.0845, 0.9155 \cdot 0.395) = 0.605 \cdot 0.0845 = 0.051$$

$$D_{max,AFR} = \min(0.706 \cdot 0.169, 0.831 \cdot 0.294) = 0.706 \cdot 0.169 = 0.119$$

Aufgabe 4: Lösung (6)

$$D'_{EUR} = \frac{D_{EUR}}{D_{max,EUR}} = 1$$

$$D'_{AFR} = \frac{D_{AFR}}{D_{AFR}} = 0.731$$

$$r_{EUR}^2 = \frac{0.051^2}{0.9155 \cdot 0.0845 \cdot 0.605 \cdot 0.395} = 0.141$$

$$r_{AFR}^2 = \frac{0.087^2}{0.831 \cdot 0.169 \cdot 0.706 \cdot 0.294} = 0.260$$

Interpretation:

- in EUR noch keine Rekombination ($D' = 1$), in AFR schon.
- Assoziationsstatistiken nicht sehr ähnlich ($r^2 < 0.3$, nur schwach korreliert)

Aufgabe 4: Hintergrund (4)

- Vater mit Haplotypen (-;C) und (G;G) \rightarrow Blutgruppe A0
- Mutter mit Haplotypen (G;G) und (G;G) \rightarrow Blutgruppe AA
- Welche Blutgruppen können die Kinder haben?
- In EUR: mit 99,99% Wahrscheinlichkeit A (A0 oder AA)
- In AFR: A oder AB:
 - \rightarrow Rekombination beim Vater möglich
 - \rightarrow Rekombinierte Haplotypen (G;C) und (-;G) \rightarrow Blutgruppe B0

Abschnitt 3

Hauptkomponentenanalyse

Aufgabe 2: Hauptkomponentenanalyse

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -2 \\ 0 & 2 & 0 \\ -2 & 0 & 4 \end{pmatrix}$$

- a) Charakteristisches Polynom $\det(A - \lambda E)$ und Eigenwerte $\lambda_i, i \in 1, 2, 3$
- b) Eigenvektoren w_i mit $(A - \lambda_i E) * w_i = 0$
- c) Orthogonalität und Orthonormalität.
- d) Überprüfung $Q * \Lambda * Q^{-1}$ mit Diagonalmatrix Λ der EW und normalisierte Matrix Q der EVs.

Aufgabe 2: Hintergrund (1)

- Principal Component Analyses: Dimensionsreduktion durch Nutzung der Eigenvektoren der Kovarianzmatrix
- n Versuchspersonen mit p gemessenen Merkmalen $\rightarrow n \times p$ Matrix
- Ziel: Projektion der p Merkmale in eine niedrigere Dimension, wobei korrelierte Daten zusammengefasst werden, aber möglichst wenig Information verloren gehen soll.
- Für normalverteilte Datensätze gilt: nach Transformation sind die Komponenten statistisch unabhängig
- A könnte die Kovarianzmatrix von drei Parametern sein.

Aufgabe 2: Lösung (1) - Eigenwerte

$$A - \mu E = \begin{pmatrix} 1 - \mu & 0 & -2 \\ 0 & 2 - \mu & 0 \\ -2 & 0 & 4 - \mu \end{pmatrix}$$

$$\begin{aligned} \det(A - \mu E) &= (1 - \mu)(2 - \mu)(4 - \mu) - 4(2 - \mu) \\ &= (2 - \mu)[(1 - \mu)(4 - \mu) - 4] \\ &= (2 - \mu)[\mu^2 - 5\mu + 4 - 4] \\ &= (2 - \mu)(\mu^2 - 5\mu) \\ &= \mu(2 - \mu)(\mu - 5) \\ &\implies \mu_1 = 5, \mu_2 = 2, \mu_3 = 0 \end{aligned}$$

Es gibt also drei unterschiedliche Eigenwerte, die nach ihrer Größe geordnet werden.

Aufgabe 2: Lösung (2) - Eigenvektoren

$$(A - \mu_i E) * w_i \stackrel{!}{=} 0:$$

$$\begin{pmatrix} -4 & 0 & -2 \\ 0 & -3 & 0 \\ -2 & 0 & -1 \end{pmatrix} * w_1 \stackrel{!}{=} 0 \iff -4 * w_{1,1} - 2 * w_{1,3} = 0 \wedge w_{1,2} = 0$$

$$w_1^T = (-1, 0, 2)$$

$$\begin{pmatrix} -1 & 0 & -2 \\ 0 & 0 & 0 \\ -2 & 0 & 2 \end{pmatrix} * w_2 \stackrel{!}{=} 0 \iff w_{2,1}, w_{2,3} = 0 \wedge w_{2,2} \neq 0$$

$$w_2^T = (0, 1, 0)$$

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & -2 \\ 0 & 2 & 0 \\ -2 & 0 & 4 \end{pmatrix} * w_3 \stackrel{!}{=} 0 \iff 1 * w_{3,1} - 2 * w_{3,3} = 0 \wedge w_{3,2} = 0$$

$$w_3^T = (2, 0, 1)$$

Aufgabe 2: Lösung (3) - Orthogonalität & Normierung

Orthogonalität liegt vor, wenn das Skalarprodukt gleich 0 ist.

$$w_1 \text{ und } w_2: w_1 \cdot w_2 = -1 * 0 + 0 * 1 + 2 * 0 = 0$$

$$w_1 \text{ und } w_3: w_1 \cdot w_3 = -1 * 2 + 0 * 0 + 2 * 1 = -2 + 2 = 0$$

$$w_2 \text{ und } w_3: w_2 \cdot w_3 = 0 * 2 + 1 * 0 + 0 * 1 = 0$$

Alle Eigenvektoren sind also senkrecht zu einander. Die Länge eines Vektors erhält man durch die Wurzel des Skalarprodukt mit dem Vektor selbst:

$$\sqrt{w_1 \cdot w_1} = \sqrt{1 + 4} = \sqrt{5} \iff v_1^T = \frac{1}{\sqrt{5}}(-1, 0, 2)$$

$$\sqrt{w_2 \cdot w_2} = \sqrt{1} = 1 \iff v_2^T = (0, 1, 0)$$

$$\sqrt{w_3 \cdot w_3} = \sqrt{4 + 1} = \sqrt{5} \iff v_3^T = \frac{1}{\sqrt{5}}(2, 0, 1)$$

Aufgabe 2: Lösung (4) - Überprüfen

Für orthogonale Matrizen Q gilt: $Q^{-1} = Q^T$

Für symmetrische Matrizen Q gilt: $Q^T = Q$,

Umformulieren $Q * \Lambda * Q^{-1} = Q * \Lambda * Q^T = Q * \Lambda * Q$.

$$\begin{aligned} Q * \Lambda * Q &= \frac{1}{5} \begin{pmatrix} -1 & 0 & 2 \\ 0 & \sqrt{5} & 0 \\ 2 & 0 & 1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 5 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -1 & 0 & 2 \\ 0 & \sqrt{5} & 0 \\ 2 & 0 & 1 \end{pmatrix} \\ &= \frac{1}{5} \begin{pmatrix} -5 & 0 & 0 \\ 0 & 2\sqrt{5} & 0 \\ 10 & 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} -1 & 0 & 2 \\ 0 & \sqrt{5} & 0 \\ 2 & 0 & 1 \end{pmatrix} \\ &= \frac{1}{5} \begin{pmatrix} 5 & 0 & -10 \\ 0 & 10 & 0 \\ -10 & 0 & 20 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & -2 \\ 0 & 2 & 0 \\ -2 & 0 & 4 \end{pmatrix} = A \end{aligned}$$

Aufgabe 2: Lösung (5) - Nachrechnen in R

Die ganze Aufgabe kann man auch ganz schnell in R rechnen. Die Eigenvektoren werden bereits normiert ausgegeben.

```
a<-c(1,0,-2); b<-c(0,2,0); c<-c(-2,0,4)
A<-matrix(c(a,b,c),3)
eigen(A)
```

```
## eigen() decomposition
## $values
## [1] 5.000000e+00 2.000000e+00 1.776357e-15
##
## $vectors
##           [,1] [,2]      [,3]
## [1,] -0.4472136    0 0.8944272
## [2,]  0.0000000    1 0.0000000
## [3,]  0.8944272    0 0.4472136
```

Aufgabe 2: Lösung (6) - Nachrechnen in R

```
Q<-eigen(A)$vectors
Q2<-solve(Q)
L<-matrix(c(c(5,0,0),c(0,2,0),c(0,0,0)),3)
B<-Q%*%L%*%Q2
B
```

```
##      [,1] [,2] [,3]
## [1,]    1    0   -2
## [2,]    0    2    0
## [3,]   -2    0    4
```

Zusatzaufgabe: PCA in R

- Lade *iris* aus dem R-Paket „data.table“ in R
- Wählen Sie die ersten 4 Parameter aus dem Datensatz als Datenmatrix M .
- Erstellen Sie X als die normierte Matrix von M und bestimmen sie A als $X \cdot X^T$. Was ist die Bedeutung von A ? Rechnen Sie das nach!
- Bestimmen Sie die Eigenwerte und Eigenvektoren von A mittels der R-Funktion `eigen()`.
- Berechnen Sie den Anteil der erklärten Varianz durch den ersten Eigenvektor
- Plot der ersten beiden Eigenvektoren

Zusatzaufgabe 4: Lösung (1) - Laden

```
data("iris")
myDat<-iris[,1:4]
names(myDat) = c("Sepal.L", "Sepal.W", "Petal.L", "Petal.W")
dim(myDat)
```

```
## [1] 150  4
```

Zusatzaufgabe 4: Lösung (2) - Transformieren

Die Matrix M wird transponiert, da wir eine 4x4 Matrix, und keine 200x200 Matrix wollen.

Anschließend wird M normiert, das heißt wir ziehen den Mittelwert ab und teilen dann durch die Standardabweichung.

##		Sepal.L	Sepal.W	Petal.L	Petal.W
##	Sepal.L	149.0000	-17.51790	129.89131	121.87323
##	Sepal.W	-17.5179	149.00000	-63.83758	-54.55276
##	Petal.L	129.8913	-63.83758	149.00000	143.46695
##	Petal.W	121.8732	-54.55276	143.46695	149.00000

Zusatzaufgabe 4: Lösung (3) - Bedeutung A

A entspricht der $(n-1)$ -fachen normierten Kovarianzmatrix der vier Blättermerkmale.

##		Sepal.L	Sepal.W	Petal.L	Petal.W
##	Sepal.L	1.0000000	-0.1175698	0.8717538	0.8179411
##	Sepal.W	-0.1175698	1.0000000	-0.4284401	-0.3661259
##	Petal.L	0.8717538	-0.4284401	1.0000000	0.9628654
##	Petal.W	0.8179411	-0.3661259	0.9628654	1.0000000

Zusatzaufgabe 4: Lösung (4) - PCA

Nun können wir die Eigenwerte und Eigenvektoren der Kovarianzmatrix bestimmen und deren Anteil an der erklärten Varianz ausrechnen

```
## eigen() decomposition
## $values
## [1] 434.856175 136.190540 21.866774 3.086511
##
## $vectors
##           [,1]      [,2]      [,3]      [,4]
## [1,] 0.5210659 -0.37741762 0.7195664 0.2612863
## [2,] -0.2693474 -0.92329566 -0.2443818 -0.1235096
## [3,] 0.5804131 -0.02449161 -0.1421264 -0.8014492
## [4,] 0.5648565 -0.06694199 -0.6342727 0.5235971

## [1] 0.7296245

## [1] 0.9581321
```

Die ersten beiden Eigenvektoren erklären also 63% der Varianz von A.

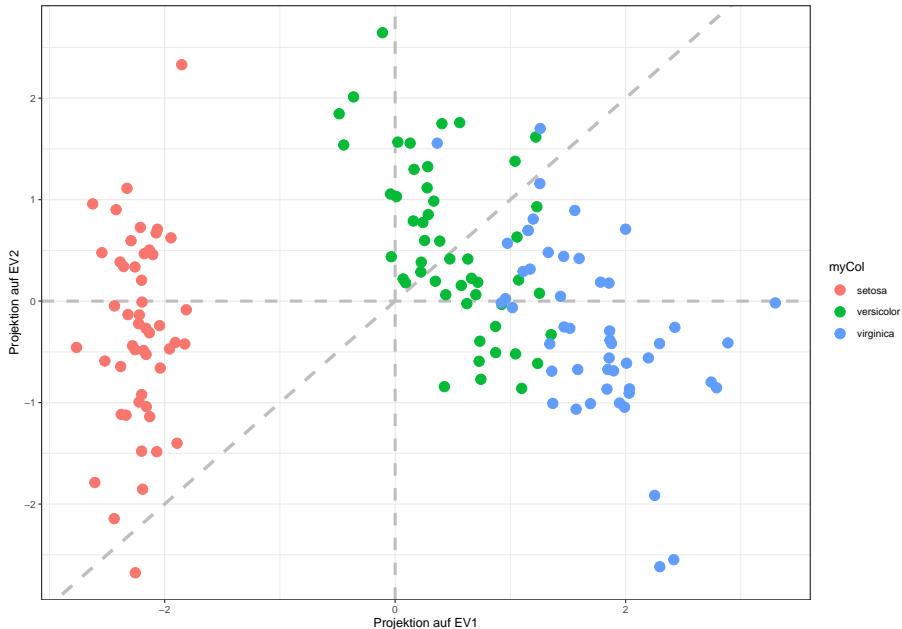
Zusatzaufgabe 4: Lösung (5) - Plot

```
w1<-eigA$vectors[,1]
w2<-eigA$vectors[,2]
x<-as.numeric(t(w1)%*%X)
y<-as.numeric(t(w2)%*%X)

myPlotData = data.table(myX = x, myY = y, myCol = iris$Species)

myPlot<-ggplot(myPlotData, aes(x=myX, y=myY, color=myCol)) +
  geom_abline(intercept = 0, slope = 1, color="grey", linetype="solid") +
  geom_hline(yintercept = 0, color="grey", linetype="dashed", size=1) +
  geom_vline(xintercept = 0, color="grey", linetype="dashed", size=1) +
  geom_point(size=3.5)+
  theme_bw(base_size = 10)+
  labs(x="Projektion auf EV1", y = "Projektion auf EV2")
myPlot
```

Zusatzaufgabe 4: Lösung (5) - Plot



Abschnitt 4

Zusammenfassung

Zusammenfassung

- Warum ist HWE wichtig in der genetischen Statistik?
- Warum ist LD wichtig in der genetischen Statistik?
- Zu welchem Zweck wird die PCA in der genetischen Statistik angewandt?