

**Statistische Aspekte der Analyse
molekularbiologischer und
genetischer Daten (WS 2016/17)**

Quelle: Vorlesungsunterlagen

Inhaltsverzeichnis

1	V1	1
1.1	Aufbau und Struktur der DNA	1
1.2	Genetischer Code	1
1.3	Replikation / Transkription / Translation	1
1.4	Mitose	1
1.5	Nicht-kodierende RNAs	1
1.6	Aufgaben zur Übung 1	1
1.6.1	Aufgabe 1	1
1.6.2	Aufgabe 2	1
1.6.3	Aufgabe 3	1
1.6.4	Aufgabe 4	2
1.6.5	Aufgabe 5	2
1.6.6	Aufgabe 6	4
2	V2	5
2.1	Mechanismen der epigenetischen Modifikation	5
2.2	Mechanismen der DNA Reparatur	5
2.3	Typische Mutationen	5
2.4	PCR	5
2.5	Sanger Sequenzierung	5
2.6	TaqMan	5
2.7	SNP-Microarray	5
2.8	Aufgaben zur Übung 2	5
2.8.1	Aufgabe 1	5
2.8.2	Aufgabe 2	6
2.8.3	Aufgabe 3	7
2.8.4	Aufgabe 4	7
3	V3	9
3.1	Meiose	9
3.2	Mendelsche Gesetze	9
3.3	Erbgänge / Stammbäume	9
3.4	Gründe für Abweichungen von Mendelschen Erbgängen	9
3.5	Aufgaben zur Übung 3	9
3.5.1	Aufgabe 1	9
3.5.2	Aufgabe 2	10
3.5.3	Aufgabe 3	10
4	V4	11
4.1	Bias und Präzision	11
4.2	Frequentistischer und Bayesianischer Wahrscheinlichkeitsbegriff	11
4.3	Zufallsvariablen (Erwartungswert, Varianz, Standardabweichung, Covarianz, Unabhängigkeit, Randverteilung)	11

4.4	Bedingte Wahrscheinlichkeit, Bayessche Lernformel	11
4.5	Einige wichtige Verteilungsfunktionen	11
4.6	Aufgaben zur Übung 4	11
5	V5	12
5.1	Konfidenzintervall	12
5.2	Logik des statistischen Testens, Testdurchführung und Interpretation	12
5.3	Typ I und Typ II Fehler, Einfluß der Fallzahl	12
5.4	Problem des multiplen Testens und Korrekturmöglichkeiten	12
5.5	Faktoren für die Auswahl des richtigen Tests	12
5.6	Zusammenhangsmaße auf Vierfeldertafeln	12
5.7	Korrelation, Scheinkorrelation und Confounder	12
5.8	Aufgaben zur Übung 5	12
6	V6	13
6.1	Lineare Regression	13
6.1.1	Modellannahme	13
6.1.2	Schätzen der Betas („Intercept“ und „Slope“)	13
6.1.3	Varianzzerlegung und erklärte Varianz bei linearer Regression	13
6.1.4	Multivariate Regression	13
6.1.5	AIC	13
6.2	Multivariate Regression	13
6.2.1	Schätzen von Kontrasten	13
6.2.2	AIC	13
6.2.3	Interaktion	13
6.3	Auswahl einer passenden Regressionsmethode	13
6.4	Aufgaben zur Übung 6	13
7	V7	14
7.1	Motivation und Ansatz für gemischte Modelle	14
7.2	Feste und zufällige Effekte	14
7.3	Idee der Hauptkomponentenanalyse	14
7.4	Interpretation PCA-Plots und Eigenwerte	14
7.5	Aufgaben zur Übung 7	14
8	V8	15
8.1	Hardy-Weinberg Gleichgewicht incl. Test	15
8.2	Kinship-Koeffizient, Verwandtschaftsschätzung	15
8.3	Kopplungsungleichgewicht	15
8.3.1	Entstehung und Entwicklung	15
8.3.2	Bewertung (Maße)	15
8.3.3	Bedeutung (Interpretation, Tagging, LD-Heatmaps)	15
8.4	Aufgaben zur Übung 8	15
8.4.1	Aufgabe 1	15
8.4.2	Aufgabe 2	15

8.4.3	Aufgabe 3	15
8.4.4	Aufgabe 4	16
9	V9	17
9.1	Interpretation der Fixationsindices F_{st} und F_{is}	17
9.2	Bootstrap, Jackknife als Schätzverfahren für Standardfehler	17
9.3	Hauptkomponentenanalyse in der Genetik (Interpretation)	17
9.4	ROH: Definition und Interpretation	17
9.5	Aufgaben zur Übung 9	17
9.5.1	Aufgabe 1	17
10	V10	19
10.1	Heritabilität, Definition + Möglichkeiten zur Schätzung	19
10.2	Genetische Assoziation (Prinzip)	19
10.3	Stratifikationsbias bei genetischen Studien	19
10.4	Genetische Modelle und deren Schätzung	20
10.5	Spezifik gonosomaler Markeranalysen	21
10.6	Genomweite Assoziationsstudie	22
10.6.1	Ansatz	22
10.6.2	Replikation vs. kombinierte Analyse und Power	22
10.6.3	Mehrstufigendesign	23
10.6.4	Power	23
10.7	Aufgaben zur Übung 10	23
11	V11	24
11.1	Phänotyp, Genotyp-Phänotyp-Beziehung	24
11.2	Reliabilität, Validität	25
11.3	(Genetische) Studiendesigns	25
11.3.1	Querschnittstudien	25
11.3.2	Kohortenstudien	26
11.3.3	Fall-Kontroll-Studien	26
11.4	GxE Interaktion	26
11.5	Coverage von Microarrays	27
11.6	Aufgaben zur Übung 11	27
12	V12	28
12.1	Calling von SNP-Daten	28
12.1.1	Calling-Algorithmen	28
12.2	Clusterplots + Interpretation	28
12.3	Maße zur Bewertung der Clusterplotirregularität	28
12.3.1	Typische SNP-QC Maße	28
12.3.2	Typische Sample-QC Maße	29
12.4	Aufgaben zur Übung 12	30

13 V13	31
13.1 Interpretation X-Y Intensitätsplots	31
13.2 Interpretation PCA	32
13.3 CNV Detektion mit SNP-Array und Interpretation von R-Ratio und B-Allelfrequency plots	32
14 V14	33
14.1 Prinzip der Genotyp-Imputation	33
14.2 Aufbau eines HMMs	33
14.3 Probleme des Referenzabgleichs	34
14.4 Messen der Imputationsqualität	35
14.5 Einflußfaktoren auf die Imputationsqualität	36
14.6 Problematik der Assoziationsanalyse mit imputierten Genotypen .	36
15 VL15	38
15.1 Pedigree Format	38
15.2 Manhattan Plots	39
15.3 QQ-Plots	39
15.4 Regional Association plot (RA)	40
15.5 Genomic Control	40
16 V16	41
17 V17	42
18 V18	43
18.1 Fixed-effects Modell	43
18.2 Random-effects Modell	43
18.3 Fixed effect versus Random effects Modell	44
18.4 Forest plot	44
18.5 Permutationstest	45
19 V19	47
19.1 Typische Konzepte der Genexpressions-Präprozessierung	47
19.2 Typische Filter / Probleme	49
19.3 Konzepte für Anreicherungsanalysen	50
20 V20	52
20.1 eQTL	52
20.2 Cis/trans Effekte	52
20.3 Bedeutung von eQTLs	52
20.3.1 Für Verständnis der Regulation der Genexpression	52
20.3.2 Zur Erklärung genetischer Assoziationen	52
21 V21	53

1 V1

1.1 Aufbau und Struktur der DNA

1.2 Genetischer Code

1.3 Replikation / Transkription / Translation

1.4 Mitose

1.5 Nicht-kodierende RNAs

1.6 Aufgaben zur Übung 1

1.6.1 Aufgabe 1

- zu a: siehe Codonsonne¹
AUG (ATG) als Startcodon, UGA (TGA) als Stopcodon
5' - ATG GTT AAA CAC GTG CAC GAG TGA - 3'
3' - TAC CAA TTT GTG CAC GTG CTC ACT - 5'
- zu b:
5' - AUG GUU AAA CAC GUG CAC GAG UGA - 3'
- zu c: tRNA für Valin, Lysin, Histidin, Valin, Glutamin, Glutaminsäure (das komplementäre der RNA)
- zu d: unpolar/neutral, positiv/basisch, positiv/basisch, unpolar/neutral, polar/neutral, negativ/sauer

1.6.2 Aufgabe 2

1.6.3 Aufgabe 3

- E. coli: $4,6 \cdot 10^6$ Basen, 4500 Gene
- Bäckerhefe: $2 \cdot 10^7$ Basen, 6000 Gene
- Ackerschmalwand: 10^8 Basen, 25500 Gene
- Fruchtfliege (Drosophila Melanogaster): $2 \cdot 10^8$ Basen, 13500 Gene
- Menschen: $3,27 \cdot 10^9$ Basen, 23000 Gene

¹<https://de.wikipedia.org/wiki/Code-Sonne>

1.6.4 Aufgabe 4

- SNP²:
 - Single Nucleotide Polymorphism - Einzelnukleotid-Polymorphismus
 - Variation eines einzelnen Basenpaares in einem DNA-Strang
 - SNPs sind geerbte und vererbte genetische Varianten. Begrifflich davon abzugrenzen ist der Begriff der Mutation, der in der Regel eine neu aufgetretene Veränderung bezeichnet
 - Laktosetoleranz: durch einen SNP im Intron des Gens *mcm6* entwickelt, welches 5' von LCT(Lactase) liegt
- CNV³:
 - Copy number variation - Kopienzahlvariation
 - struktureller Variation des Erbguts, die Abweichungen der Anzahl der Kopien eines bestimmten DNA-Abschnittes innerhalb eines Genoms erzeugt
- Chromosomen-Mutationen⁴:
 - strukturelle Veränderung eines Chromosoms, 5 Arten
 - Deletion: Ein Teilstück des Chromosoms (Endstück oder mittlerer Abschnitt) geht verloren
 - Translokation: Chromosomen können auseinanderbrechen und dabei Teilstücke verlieren, welche in die Chromatide eines anderen Chromosoms angeheftet werden
 - Duplikation: Ein Abschnitt des Chromosoms ist doppelt vorhanden, da ein auseinandergebrochenes Teilstück in die Schwesterchromatide eingegliedert wurde
 - Inversion: Innerhalb eines Chromosoms kann sich nach einem doppelten Bruch ein Stück wieder umgekehrt einfügen
 - Insertion (auch: Addition): Hier besitzt ein Chromosom ein zusätzliches Teilstück

1.6.5 Aufgabe 5

- PCR⁵: Polymerase-Kettenreaktion (polymerase chain reaction)
- Prozess besteht aus etwa 20–50 Zyklen, jeder Zyklus besteht aus drei Schritten

²<https://de.wikipedia.org/wiki/Einzelnukleotid-Polymorphismus>

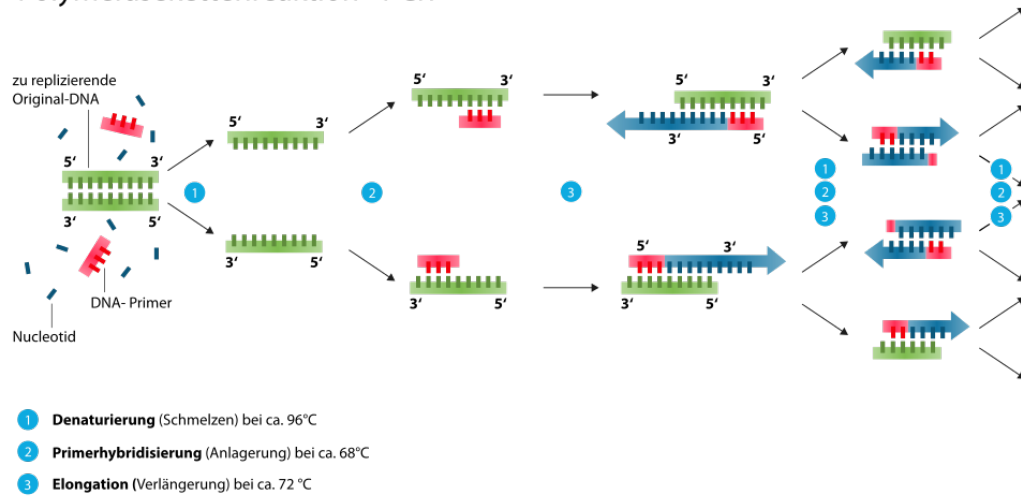
³https://de.wikipedia.org/wiki/Gene_copy_number_variants

⁴<https://de.wikipedia.org/wiki/Chromosomenmutation>

⁵<https://de.wikipedia.org/wiki/Polymerase-Kettenreaktion>

1. Denaturierung (Melting, Schmelzen): Zunächst wird die doppelsträngige DNA auf 94–96 °C erhitzt, um die Stränge zu trennen. Die Wasserstoffbrückenbindungen, die die beiden DNA-Stränge zusammenhalten, werden aufgebrochen. Im ersten Zyklus wird die DNA oft für längere Zeit erhitzt (Initialisierung), um sicherzustellen, dass sich sowohl die Ausgangs-DNA als auch die Primer vollständig voneinander getrennt haben und nur noch Einzelstränge vorliegen. Manche (sogenannte Hot-Start-) Polymerasen müssen durch eine noch längere anfängliche Erhitzungsphase (bis zu 15 Minuten) aktiviert werden. Danach wird schnell auf 65 °C abgekühlt, um die Rückbildung der Doppelhelix zu verhindern.
2. Primerhybridisierung (primer annealing): Die Temperatur wird ca. 30 Sekunden lang auf einem Wert gehalten, der eine spezifische Anlagerung der Primer an die DNA erlaubt. Die genaue Temperatur wird hierbei durch die Länge und die Sequenz der Primer bestimmt (bzw. der passenden Nukleotide im Primer, wenn durch diesen Mutationen eingeführt werden sollen = site-directed mutagenesis). Wird die Temperatur zu niedrig gewählt, können sich die Primer unter Umständen auch an nicht hundertprozentig komplementären Sequenzen anlagern und so zu unspezifischen Produkten („Geisterbanden“) führen. Wird die Temperatur zu hoch gewählt, ist die thermische Bewegung der Primer u. U. so groß, dass sie sich nicht richtig anheften können, so dass es zu gar keiner oder nur ineffizienter Produktbildung kommt. Die Temperatur, welche die beiden oben genannten Effekte weitgehend ausschließt, liegt normalerweise 5–10 °C unter dem Schmelzpunkt der Primersequenzen; dies entspricht meist einer Temperatur von 55 bis 65 °C.
3. Elongation (Extending, Polymerisation, Verlängerung, Amplifikation): Schließlich füllt die DNA-Polymerase die fehlenden Stränge mit freien Nukleotiden auf. Sie beginnt am 3'-Ende des angelagerten Primers und folgt dann dem DNA-Strang. Der Primer wird nicht wieder abgelöst, er bildet den Anfang des neuen Einzelstrangs. Die Temperatur hängt vom Arbeitsoptimum der verwendeten DNA-Polymerase ab (68–72 °C). Dieser Schritt dauert etwa 30 Sekunden je 500 Basenpaare, variiert aber in Abhängigkeit von der verwendeten DNA-Polymerase. Übliche Thermocycler kühlen die Reaktionsansätze nach Vollendung aller Zyklen auf 4–8 °C, so dass eine PCR am Abend angesetzt werden kann und die Proben am Morgen darauf weiterverarbeitet werden können.

Polymerasekettenreaktion - PCR



zu amplifizierende Sequenz:

5'-ACCGCGGCTT AGGAAAXXXX XXXXXCCCG GGGCGTATGC TGACGG3'
 3'-CGAA TCCTTT-5' 3'-GGGC CCCGCA-5'

1.6.6 Aufgabe 6

Didesoxymethode nach Sanger⁶:

- Didesoxynukleotide weil: wird als Stopp-Nukleotiden benutzt, an Ribose (Zucker) an Position 2' und 3' desoxidiert ist. Dadurch fehlt am 3'-Kohlenstoff-Atom die Hydroxygruppe, an der bei der Polymerisation das nächste Nukleotid angehängt wird.
- auch Desoxynukleotide weil: sonst funktioniert die Verlängerung nicht
- Ergebnis nur Didesoxynukleotide: es gibt keine Verlängerung

nur Didesoxynukleotide

⁶https://de.wikipedia.org/wiki/DNA-Sequenzierung#Didesoxymethode_nach_Sanger

2 V2

2.1 Mechanismen der epigenetischen Modifikation

2.2 Mechanismen der DNA Reparatur

2.3 Typische Mutationen

2.4 PCR

2.5 Sanger Sequenzierung

2.6 TaqMan

2.7 SNP-Microarray

2.8 Aufgaben zur Übung 2

2.8.1 Aufgabe 1

a.)

Als Crossing-over⁷ wird in der Genetik eine kreuzweise Überlagerung zweier Chromatiden mit nachfolgendem, gegenseitigem Austausch von Abschnitten bezeichnet, wie er zwischen väterlichen und mütterlichen homologen Chromosomen bei einer Meiose auftreten kann.

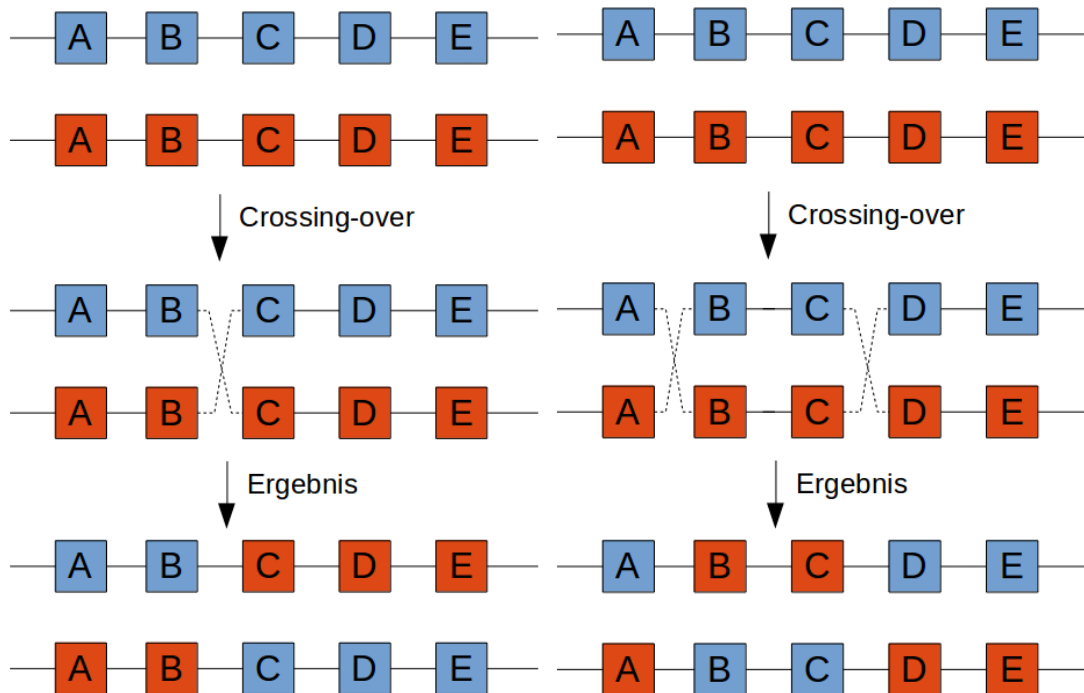
b.) A und B sind rekombiniert zu C,D,E

c.) A, D,E sind rekombiniert mit B,C

⁷<https://de.wikipedia.org/wiki/Crossing-over>

zu b.)

zu c.)



2.8.2 Aufgabe 2

Gen: ABO⁸ rs8176719⁹:

- (-;-): likely to be of blood type O
- (-;G): most likely to be of blood type A or B
- (G;G): most likely to be of blood type A, B or AB

rs8176747¹⁰:

- G führt zu Blutgruppe A, C zu Blutgruppe B

rs8176750¹¹: definiert Untergruppe von A

- (-;C): A1
- (-;-): A2

Kombinationsmöglichkeiten:

- praktisch durch Allele vorgegeben: $3 \cdot 2 \cdot 2 = 12$ ¹²

⁸<http://www.snpedia.com/index.php/ABO>

⁹<http://www.snpedia.com/index.php/rs8176747>

¹⁰<http://www.snpedia.com/index.php/rs8176747>

¹¹<http://www.snpedia.com/index.php/rs8176750>

¹²<https://sites.google.com/site/abobloodgroup/14.aboalleles%28oalleles%29>

- theoretisch: $5^3 = 125$
- Musterlösung: 3 SNPs auf einem Allel \rightarrow 8 Kombinationen; 2 Allele: 36 Möglichkeiten

A und B kodominant, Faktor 0 rezessiv

2.8.3 Aufgabe 3

- a.)
- b.)
- c.)

2.8.4 Aufgabe 4

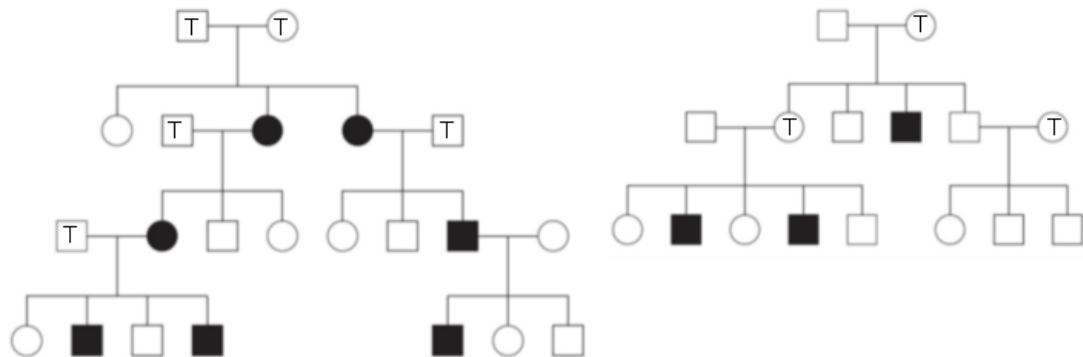
- a.)

rezessiv:¹³ bedeutet in der Genetik „zurücktretend“ oder auch „nicht in Erscheinung tretend“

dominant:¹⁴ ein dominantes Allel setzt sich in der Merkmalsausprägung gegenüber einem rezessiven Allel durch

Penetranz:¹⁵ prozentuale Wahrscheinlichkeit, mit der ein bestimmter Genotyp zur Ausbildung des zugehörigen Phänotyps führt

- b.)

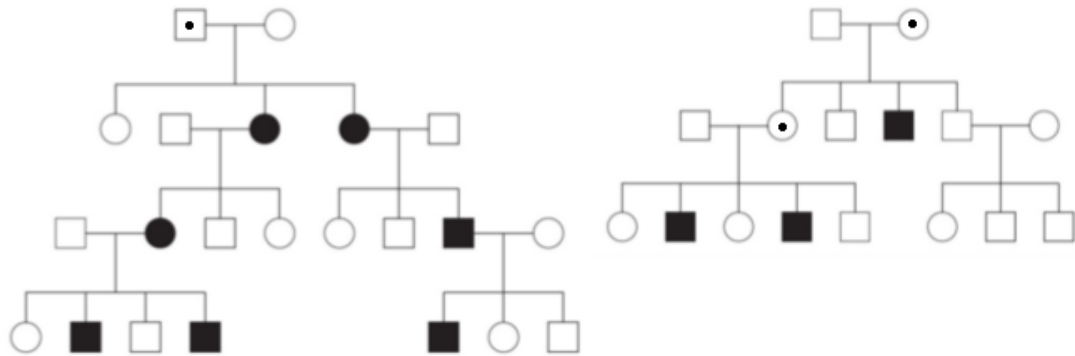


¹³<https://de.wikipedia.org/wiki/Rezessiv>

¹⁴[https://de.wikipedia.org/wiki/Dominanz_\(Genetik\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Dominanz_(Genetik))

¹⁵[https://de.wikipedia.org/wiki/Penetranz_\(Genetik\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Penetranz_(Genetik))

aus Musterlösung:



c.)

links: autosomal rezessiv, aus Musterlösung: autosomal dominant mit reduzierter Penetranz, weil:

- beide Geschlechter betroffen
- in jeder Generation
- etwa die Hälfte der Kinder betroffen

rechts: genosomal rezessiv, auf einem X-Chromosom der Mutter

3 V3

3.1 Meiose

3.2 Mendelsche Gesetze

3.3 Erbgänge / Stammbäume

3.4 Gründe für Abweichungen von Mendelschen Erbgängen

3.5 Aufgaben zur Übung 3

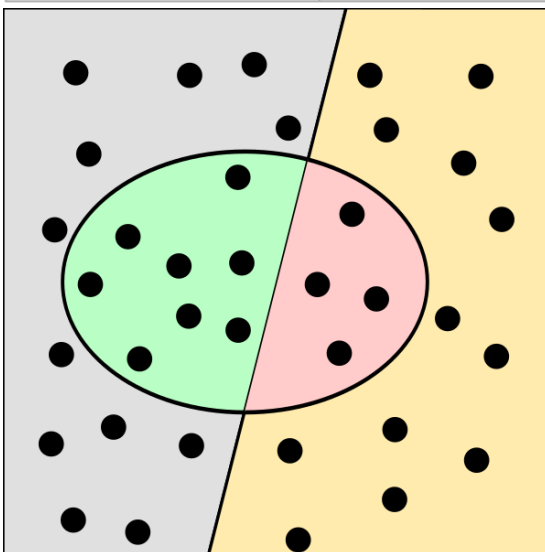
3.5.1 Aufgabe 1

a.)

- Sensitivität: gibt den Anteil der korrekt als positiv klassifizierten Objekte an der Gesamtheit der tatsächlich positiven Objekte an ($\mathbb{P}(P|K)$)
- Spezifität: gibt den Anteil der korrekt als negativ klassifizierten Objekte an der Gesamtheit der in Wirklichkeit negativen Objekte an ($\mathbb{P}(\overline{P}|\overline{K})$)
- Prävalenz: welcher Anteil der Menschen einer bestimmten Gruppe (Population) definierter Größe zu einem bestimmten Zeitpunkt an einer bestimmten Krankheit erkrankt ist
Prävalenz=Anzahl der zum Untersuchungszeitpunkt Kranken / Anzahl der in die Untersuchung einbezogenen Individuen

Vierfeldertafel

	Person ist krank (r_p+f_n)	Person ist gesund (f_p+r_n)
Test positiv (r_p+f_p)	richtig positiv (r_p)	falsch positiv (f_p)
Test negativ (f_n+r_n)	falsch negativ (f_n)	richtig negativ (r_n)



b.)

gegeben:

- $K = \{\text{Patient ist krank}\}$
- $P = \{\text{Test ist positiv}\}$
- Sensitivität: $\mathbb{P}(P|K) = 0,95$
- Spezifität: $\mathbb{P}(\bar{P}|\bar{K}) = 0,90$
- Prävalenz: $\mathbb{P}(K) = 0,1$

gesucht:

- positiv prädiktiver Wert (PPW):

$$\mathbb{P}(K|P) = \frac{\mathbb{P}(P|K) \cdot \mathbb{P}(K)}{\underbrace{\mathbb{P}(P)}_{\text{Satz von Bayes}}} = \frac{\mathbb{P}(P|K) \cdot \mathbb{P}(K)}{\underbrace{\mathbb{P}(P|\bar{K}) \cdot \mathbb{P}(\bar{K}) + \mathbb{P}(P|K) \cdot \mathbb{P}(K)}_{\substack{= 1 - \mathbb{P}(\bar{P}|\bar{K}) \\ \text{totale Wahrscheinlichkeit}}}}$$
$$\mathbb{P}(K|P) = \frac{0,95 \cdot 0,1}{0,1 \cdot 0,9 + 0,95 \cdot 0,1} = \underline{\underline{0,513513514}}$$

- negativ prädiktiver Wert (NPW):

$$\mathbb{P}(\bar{K}|\bar{P}) = \frac{\mathbb{P}(\bar{P}|\bar{K}) \cdot \mathbb{P}(\bar{K})}{\underbrace{\mathbb{P}(\bar{P})}_{1 - \mathbb{P}(P)}} = \frac{\mathbb{P}(\bar{P}|\bar{K}) \cdot \mathbb{P}(\bar{K})}{1 - (\mathbb{P}(P|\bar{K}) \cdot \mathbb{P}(\bar{K}) + \mathbb{P}(P|K) \cdot \mathbb{P}(K))}$$
$$\mathbb{P}(\bar{K}|\bar{P}) = \frac{0,9 \cdot 0,9}{1 - (0,1 \cdot 0,9 + 0,95 \cdot 0,1)} = \underline{\underline{0,993865031}}$$

c.)

gegeben:

- Sensitivität: $\mathbb{P}(P|K) = 0,95$
- Spezifität: $\mathbb{P}(\bar{P}|\bar{K}) = 0,90$
- Prävalenz: $\mathbb{P}(K) = 0,05$

gesucht:

- positiv prädiktiver Wert (PPW) = 0,33
- negativ prädiktiver Wert (NPW) = 0,997084548104956

d.) siehe R-Script

3.5.2 Aufgabe 2

3.5.3 Aufgabe 3

siehe R-Script

4 V4

4.1 Bias und Präzision

4.2 Frequentistischer und Bayesianischer Wahrscheinlichkeitsbegriff

4.3 Zufallsvariablen (Erwartungswert, Varianz, Standardabweichung, Covarianz, Unabhängigkeit, Randverteilung)

4.4 Bedingte Wahrscheinlichkeit, Bayessche Lernformel

4.5 Einige wichtige Verteilungsfunktionen

4.6 Aufgaben zur Übung 4

5 V5

5.1 Konfidenzintervall

5.2 Logik des statistischen Testens, Testdurchführung und Interpretation

5.3 Typ I und Typ II Fehler, Einfluß der Fallzahl

5.4 Problem des multiplen Testens und Korrekturmöglichkeiten

5.5 Faktoren für die Auswahl des richtigen Tests

5.6 Zusammenhangsmaße auf Vierfeldertafeln

5.7 Korrelation, Scheinkorrelation und Confounder

5.8 Aufgaben zur Übung 5

6 V6

6.1 Lineare Regression

6.1.1 Modellannahme

6.1.2 Schätzen der Betas („Intercept“ und „Slope“)

6.1.3 Varianzzerlegung und erklärte Varianz bei linearer Regression

6.1.4 Multivariate Regression

6.1.5 AIC

6.2 Multivariate Regression

6.2.1 Schätzen von Kontrasten

6.2.2 AIC

6.2.3 Interaktion

6.3 Auswahl einer passenden Regressionsmethode

6.4 Aufgaben zur Übung 6

7 V7

7.1 Motivation und Ansatz für gemischte Modelle

7.2 Feste und zufällige Effekte

7.3 Idee der Hauptkomponentenanalyse

7.4 Interpretation PCA-Plots und Eigenwerte

7.5 Aufgaben zur Übung 7

8 V8

8.1 Hardy-Weinberg Gleichgewicht incl. Test

8.2 Kinship-Koeffizient, Verwandtschaftsschätzung

8.3 Kopplungsungleichgewicht

8.3.1 Entstehung und Entwicklung

8.3.2 Bewertung (Maße)

8.3.3 Bedeutung (Interpretation, Tagging, LD-Heatmaps)

8.4 Aufgaben zur Übung 8

8.4.1 Aufgabe 1

8.4.2 Aufgabe 2

	LIFE-Adult (N=10000)	LIFE-Heart (N=7000)
Design	Zunächst Querschnittstudie	Kohortenstudie
Frage (konkret)	Identifizierung molekulargenetischer und umweltbedingter Faktoren für komplexer Erkrankungen → Volkskrankheit	Identifizierung von Lebensstil- und molekulargenetischer Modifikatoren des Atherosklerose-Risiko und verwandter Phänotypen (z.B. Lipidmetabolismus)
Frage (generell)	Wie gesund oder Krank ist die Bevölkerung?	Was haben die Kranken gemeinsam, sodass sich Krankheiten entwickeln?
Vorteil	Billig, einfach durchführbar	Erfassung der Inzidenz eines Endpunktes und zeitlichen Zusammenhang zwischen Risikofaktor und Endpunkt
Nachteil	Ursache-Wirkung schlecht abbildbar	Teuer, seltene Endpunkte können nicht erfasst werden, selection bias

8.4.3 Aufgabe 3

Sie haben in der Vorlesung den Begriff Coverage kennengelernt.

1. Von was hängt die Coverage einer Microarrays ab?

- „Qualität meines Arrays“, wie viel Prozent des Array-SNPs sind in hinreichend hohem LD mit den Referenz-SNPs.

- Nimm Array-SNP und prüfe, ob dieser in der Referenz vorkommt bzw. in LD mit der Referenz-SNPs ist. Coverage ist der Anteil der in der Referenz vorkommenden SNPs
 - Abhängig von Referenz, Ethnien, LD-Niveau, cutt-off für seltene Varianten
2. Was sind die üblichen Referenz-Panels und wie unterscheiden diese sich? international HapMap Project, 1000 Genomes Project
 3. Beschreiben Sie stichpunktartig den Workflow der Affymetrix Axiom Plattform!

8.4.4 Aufgabe 4

9 V9

9.1 Interpretation der Fixationsindices F_{st} und F_{is}

9.2 Bootstrap, Jackknife als Schätzverfahren für Standardfehler

9.3 Hauptkomponentenanalyse in der Genetik (Interpretation)

9.4 ROH: Definition und Interpretation

9.5 Aufgaben zur Übung 9

9.5.1 Aufgabe 1

a.) Was sind Batch-Effekte?

eine technische Quelle für Variation in den Daten durch die Verarbeitung¹⁶

b.) Durch was können sie entstehen, wie kann man sie vermeiden?

mögliche Quellen:

- **Spotting:** Die Menge der Probe in den Nadeln des Roboters, der damit das Array behandelt, kann leicht variieren.
- **PCR Amplikation:** Proben, die durch die Polymerase-Kettenreaktion(PCR) erzeugt werden, enthalten oft nicht die gleichen Vielfachen einer Sequenz, da die Amplikation der unterschiedlichen Nukleotidstränge mit unterschiedlicher Geschwindigkeit verlaufen kann.
- **Probenaufbereitung:** bei der Vorbereitung der Proben ist eine Vielzahl komplexer biochemischer Reaktionen, wie zum Beispiel die reverse Transkription, durchzuführen. Diese können von Labor zu Labor und innerhalb eines Experiments Unterschiede aufweisen.
- **RNA-Abbau:** Unterschiedliche RNA-Stränge haben aufgrund ihrer Sekundärstruktur eine unterschiedliche Halbwertszeit. Um sie zu stabilisieren, werden eine Vielzahl von Gegenmaßnahmen angewendet, die auch Nebeneffekte nach sich ziehen können.
- **Array-Beschichtung:** Sowohl die Effizienz der Probenfixierung auf dem Array, als auch die Intensität des Hintergrundrauschens hängt stark von der Array-Beschichtung mit der Probe ab.

Diese Probleme sollten beim Design eines Microarray-Experiments beachtet werden. Kann man trotz allem einen Fehler nicht verhindern, so sollten die experimentellen Bedingungen so gewählt werden, dass die biologische Fragestellung

¹⁶http://www.molmine.com/magma/global_analysis/batch_effect.html

nicht beeinflusst wird. Falls zum Beispiel ein Vergleich zwischen zwei Tumorproben durchgeführt werden soll, so ist es ratsam, beide Proben nicht in verschiedenen Labors aufbereiten zu lassen.¹⁷

c.) Erinnern Sie sich an Aufgabe 4 von Blatt 6. Statt verschiedener Populationen nehmen wir nun an, dass der SNP auf verschiedenen Platten gemessen wurde. Führen Sie einen Chi-Quadrat-Test durch, ob sich die Allelhäufigkeiten zwischen den Platten signifikant unterscheidet!

Ergebnisse siehe R-Skript

¹⁷http://www-stud.rbi.informatik.uni-frankfurt.de/~linhi/SeminarSS04/Ausarbeitungen/03ausarbeitung_evgenji_yusuf.pdf

10 V10

10.1 Heritabilität, Definition + Möglichkeiten zur Schätzung

Erklärte Varianz eines Merkmals durch Genetik.

Schätzung der Vererbbarkeit:

1. Zwillingsstudien: Vergleich der Merkmalskonkordanz zwischen ein- (MZ) und zweieiigen Zwillingen (DZ)

Falconers Gleichung: $H^2 = 2r(MZ) - 2r(DZ)$

2. Familienstudien: Gemischte Modelle, Verwandtschaft = Kovarianz

Schätzen der Heritabilität aus genomweiten Daten gemischtes Modell:

$y_i = \mu + G_i + e_i$ mit

y_i : Phänotyp Individuum i

μ : Mittelwert

$G_i \sim \sigma_{Genetik}^2 N(0, \Phi)$ (Polygenetischer Effekt)

Φ : Verwandtschaftsmatrix

$e_i \sim \sigma_{Umwelt}^2 N(0, 1)$ (Umwelteffekt)

Heritabilitätsschätzung: $H^2 = \frac{\sigma_{Genetik}^2}{\sigma_{Genetik}^2 + \sigma_{Umwelt}^2}$

10.2 Genetische Assoziation (Prinzip)

SNP dient als Stellvertreter (proxy) eines Krankheitslokus. SNP muß nicht selbst kausal sein, sondern es genügt LD mit kausaler Variante.

Variante A: direkte Kausalität

Variante B: indirekte Kausalität über LD und proxy

10.3 Stratifikationsbias bei genetischen Studien

Gedankenexperiment:

- Phänotyp: Fähigkeit mit Stäbchen zu essen
- Studienpopulation: Gemisch aus Europäern und Asiaten
- Alle SNPs mit unterschiedlicher Allelfrequenz zwischen Europäern und Asiaten (viele!) sind mit dem Phänotyp assoziiert → Inflation der Teststatistiken → **Stratifikationsbias**

Andere Möglichkeit der Entstehung: Verwandtschaft zwischen den Individuen

Möglichkeiten der Bekämpfung von Stratifikationsbias (später genauer)

- Stratifizierte Analyse: Vorteil: funktioniert am besten, Nachteil: erfordert Kenntnis der Strata
- Adjustierung auf Hauptkomponenten: Vorteil: einfach durchführbar, Nachteil: Erhöht Freiheitsgrade der Assoziationsmodelle, beseitigt Stratifikation nicht immer vollständig, erfordert genomweite Daten (später)
- Local ancestry: Vorteil: Kann mit „Mischlingen“ umgehen, Nachteile wie bei „Adjustierung auf Hauptkomponenten“, erfordert genomweite Daten (später)
- Gemischte Modelle (Assoziation mit Korrelationsstruktur): Vorteil: geeignet bei Verwandtschaft, Nachteil: hohe Rechenbelastung
- Genomic Control: Einfache, phänomenologische Korrektur bei geringer Inflation, erfordert genomweite Daten (später)

10.4 Genetische Modelle und deren Schätzung

Allgemeines genetisches Modell ohne Kovariablen:

$$y_i = \mu + \beta_{AB}\chi_{AB}^i + \beta_{BB}\chi_{BB}^i + e_i \text{ mit}$$

y_i : Phänotyp Individuum i

μ : Mittelwert

$\chi_{XX}^i = 1$ falls Individuum i Genotyp XX hat, 0 sonst

β : Regressionskoeffizienten

$e_i \sim \sigma_{Umwelt}^2 N(0, 1)$ (Residualvarianz)

Modell	Vergleich	Tests
Additiv	AA vs. AB vs. BB	$\beta_{AB} \neq 0, \beta_{BB} = 2\beta_{AB}$
Dominant B	AA vs. AB, BB	$\beta_{AB} \neq 0, \beta_{BB} = \beta_{AB}$
Rezessiv B	AA, AB vs. BB	$\beta_{AB} = 0, \beta_{BB} \neq 0$
Heterozygotenvorteil	AA, BB vs. AB	$\beta_{AB} \neq 0, \beta_{BB} = 0$

- Additives Modell am flexibelsten
- Dominant B = Rezessiv A
- Heterozygotenvorteil selten (Beispiel Sichelzellanämie / Malaria)
- Problem: Genetisches Modell i.d.R. unbekannt

Strategien

1.
 - Man rechnet (trotz Unsicherheit über das tatsächliche Modell) mit nur einem (meist dem additiven) Modell
 - Rationale:
 - Modelle sind korreliert (Ausnahme Heterozygotenmodell)
 - Bsp: liegt tatsächlich eine Assoziation unter dem dominanten/rezessiven Modell vor, wird dies höchstwahrscheinlich auch im additiven Modell sichtbar
 - Diese Strategie wird überwiegend angewendet
 - Problem: Powerverlust bei falschem Modell, additives Modell erkennt Heterozygotenvorteil nicht
2.
 - Man vergleicht die Paßförmigkeit der Modelle für jede Situation (z.B. AIC), sucht sich das beste heraus und nimmt dessen p-Wert
 - Problem: Dieses Verfahren inflationiert den Typ 1 Fehler → erfordert Permutationstests, diese sind aufwendig
3.
 - Man testet mehrere Modelle und korrigiert nach Bonferroni
 - Problem: Überkonservativ, da Korrelation zwischen Modellen nicht berücksichtigt
4. Max-Test: ...

10.5 Spezifik gonosomaler Markeranalysen

- Die nPAR-Region ist bei Frauen auf einem Chromosom häufig inaktiviert.
- Die Inaktivierung ist wahrscheinlich(?) zufällig.
- Man modelliert die Inaktivierung indem man die Codierung der Genotypen der Männer entsprechend anpaßt:

$$\begin{aligned}\text{Codierung (Frau)} &= \begin{cases} 0 & \text{für AA} \\ 1 & \text{für AB} \\ 2 & \text{für BB} \end{cases} \\ \text{Codierung (Mann)} &= \begin{cases} 0 & \text{für A} \\ c & \text{für B} \end{cases}\end{aligned}$$

mit $c=1$: Keine Inaktivierung; $c=2$: Vollständige Inaktivierung; $1 < c < 2$: Unvollständige Inaktivierung

- Der Grad der Inaktivierung kann mit geschätzt werden (kompliziert)
- Man sollte unbedingt den Haupteffekt des Geschlechts in die Regressionsmodelle des X-Chromosoms einbauen

- Speziell bei Annahme keiner Inaktivierung, sollte die IA von Marker und Geschlecht mit ins Modell gesteckt werden.
- Obwohl Geschlecht ein unabhängiger Risikofaktor vieler Erkrankungen ist, heißt es nicht, dass auf Chr. X besonders viele Assoziationen zu finden sind (Beispiel: KHK)

10.6 Genomweite Assoziationsstudie

- Ziel: Identifikation genetischer Modifikatoren beobachtbarer Phänotypen
- Hinweise für Vererbbarkeit aus z.B. Zwillingsstudien
- „Komplexe Erkrankungen“ → Polygenetische Effekte: Häufige Varianten mit geringer Penetranz, seltene Varianten mit höherer (?) Penetranz
- Kandidatengenansätze häufig nicht replizierbar → hypothesenfreie Ansätze → Screening des Genomes mittels Marker (SNPs)
- Aktuell ca. 2240 publizierte GWAS, mehrere hundert verschiedenen Phänotypen

10.6.1 Ansatz

10.6.2 Replikation vs. kombinierte Analyse und Power

Replikation:

- Einzelanalyse der Top-Marker aus der ersten Stufe (GWAS)
- Verwendet nicht die Evidenz aus der ersten Stufe

Kombinierte Analyse:

- Kombiniert die Information aus erster und zweiter Stufe
- Achtung! Effektgrößen aus der erster Stufe sind inflationiert („winners curse“) ⇒ Korrektur (kompliziert)

Die Power der kombinierten Analyse ist immer höher als die der Replikation, aber Kombinierte Analyse hat nur dann (deutlich) höhere Power wenn:

- Mehrzahl der Samples in Stufe 1 und
- Viele Marker in der Replikation

10.6.3 Mehrstufendesign

1. GWAS: Genotype full set of SNP's in relatively small population at liberal p value
2. Replikationsstufe: Screen second, larger population at more stringent p value
3. optional third stage for increased stringency

10.6.4 Power

10.7 Aufgaben zur Übung 10

11 V11

11.1 Phänotyp, Genotyp-Phänotyp-Beziehung

Phänotyp: Erscheinungsbild/Merkmale eines Organismus (Morphologisch, Physiologisch, Psychisch)

- ererbt (Genotyp)
- erworben (Umwelt)
- akut (auf einen äußeren Reiz)

Phänotyp - Bestimmung:

- Messbarkeit
- Reliabilität
- Validität
- Vergleichbarkeit zwischen Studien

Intermediärer Phänotyp: Liegt in der Kausalbeziehung zwischen Genetik und Zielphänotyp; Beispiel: Cholesterin = intermediärer Phänotyp für Arteriosklerose

Genotyp-Phänotyp-Beziehung

Definition:

- Eine genetische Veränderung (Mutation) ist ursächlich für den Phänotyp (Kausalität)
- Grad der Abhängigkeit des Phänotyps vom Genotyp wird gemessen durch Heritabilität

Mögliche Ursachen für Abweichungen von einer strengen Genotyp-Phänotyp Beziehung:

- Phänokopie: Merkmalsausprägung aus anderer Ursache
- Phänotypische Plastizität: Modulierbarkeit durch Umwelteinflüsse
- Unvollständige Penetranz: Nichtausprägung trotz vorhandener Mutation, Kompensation eines Mechanismus
- Dramatyp: Phänokopie als Reaktion auf akutes Geschehen

11.2 Reliabilität, Validität

Reliabilität:¹⁸

- Anteil der Varianz von Messwerten, der durch tatsächliche Unterschiede des Merkmals begründet ist
- Hängt eng mit der Reproduzierbarkeit von Messungen zusammen
- Intra-Rater (observer) Reliabilität vs. Inter-Rater (observer) Reliabilität¹⁹
- grafische Darstellung mittels Bland-Altman Diagramm²⁰

Konkordanz-Korrelations-Koeffizient (CCC)

geeignetes Maß zur Bewertung der Übereinstimmung zweier quantitativer Merkmale

$$CCC(X, Y) = \frac{2cov(X, Y)}{var(X) + var(Y) + (E(X) - E(Y))^2}$$

Cohen's Kappa

geeignetes Maß zur Bewertung der Übereinstimmung zweier binärer Merkmale

$$\kappa = \frac{p_{00} + p_{11} - p_{0.}p_{.0} - p_{1.}p_{.1}}{1 - p_{0.}p_{.0} - p_{1.}p_{.1}}$$

Validität:

- Aussage zur Belastbarkeit einer Messmethode oder Operationalisierung. Wird tatsächlich das gemessen, was gemessen werden soll?
- Vergleich mit Goldstandard

11.3 (Genetische) Studiendesigns

11.3.1 Querschnittstudien

- „Cross-Sectional Study“²¹
- Untersucht gesamte Population oder repräsentative Zufallsstichprobe
- Momentaufnahme zu gegebenem Zeitpunkt: Analysiert Prävalenzen (kann nicht zwischen Effekt auf Inzidenz oder Dauer unterscheiden)
- Ungünstig für seltene Phänotypen
- Besonderheiten der Stichprobenziehung in Analysen berücksichtigen
- „Selective Survival Bias“
- Einfache Durchführbarkeit, sehr häufiger Studientyp

¹⁸<https://de.wikipedia.org/wiki/Reliabilit%C3%A4t>

¹⁹<https://de.wikipedia.org/wiki/Interrater-Reliabilit%C3%A4t>

²⁰<https://de.wikipedia.org/wiki/Bland-Altman-Diagramm>

²¹[https://de.wikipedia.org/wiki/Querschnitt_\(empirische_Forschung\)](https://de.wikipedia.org/wiki/Querschnitt_(empirische_Forschung))

11.3.2 Kohortenstudien

- „Cohort study“²², Längsschnittliche Studie (longitudinal study“)
- Beobachtung des Auftretens eines Zielmerkmals in einer Population über einen gewissen Zeitraum
- Population ist initial frei vom Zielmerkmal
- Exposition wird anfänglich gemessen
- Anreicherung seltener Expositionen möglich
- Analysiert Risikofaktoren für Inzidenzen
- Aufwändig (Zeit und Geld)
- Probleme mit drop-out beim follow-up

11.3.3 Fall-Kontroll-Studien

23

- Definierte Fälle (mit Merkmal) und Kontrollen (ohne Merkmal)
- Definition einheitlicher Ein- und Ausschlusskriterien sehr wichtig
- Analysiert Expositionseffekte
- Vorsicht mit Confounding und Stratifizierung!
- Selective survival bias, differential recall bias
- Keine direkte Bestimmung des Relativen Risikos
- Fall-Kontroll-Matching kann schwierig sein

11.4 GxE Interaktion

Gene–environment interaction²⁴

²²<https://de.wikipedia.org/wiki/Kohortenstudie>

²³<https://de.wikipedia.org/wiki/Fall-Kontroll-Studie>

²⁴https://en.wikipedia.org/wiki/Gene%E2%80%93environment_interaction

11.5 Coverage von Microarrays

Maßzahl für die „Qualität“ des Inhalts eines Microarray-Produkts
Anteil der Referenz, die in hinreichend hohem LD (r^2) mit SNPs auf dem Microarray sind. Hängt ab von:

- Referenz (meist HapMap, 1000Genomes, verschiedene Panels)
- Ethnie (z.B. für afrikanische Populationen Coverage i.d.R. viel schlechter)
- gewünschtem LD-Niveau
- cut-off für seltene Varianten

11.6 Aufgaben zur Übung 11

12 V12

12.1 Calling von SNP-Daten

Intensitäten lassen sich mittels bioinformatischer Methoden übersetzen in „Genotyp einer Person an einem SNP“ → „Calling“

12.1.1 Calling-Algorithmen

Bei der Genotypisierung mittels Micro-Arrays werden Hybridisierungsintensitäten gemessen, die i.d.R. mittels Clusteranalysen in Genotypen umgerechnet werden
Clusterplots → Genotypen

Wichtige Algorithmen:

- DM (dynamic model)
 - Calling-Algorithmus auf Basis einzelner Proben/Messungen
- BRLMM (Bayesian robust linear model)
 - benötigt die Information mehrerer Proben/Messungen

Genotypisierung ist immer fehlerbehaftet

Ziel: Eliminierung/Verringerung der Fehler(quellen) durch geeignete Filter

12.2 Clusterplots + Interpretation

- nach Genotypisierung erhält man Intensitätswerte (A und B) für die beiden Allele eines SNPs (bezeichnet mit a und b)
- man plottet nun für festen SNP und jede Person
 - auf der x-Achse: $\log_2 (A / B)$
 - auf der y-Achse: $(\log_2 (A * B)) / 2$
- Ergebnis: Clusterplot
- für qualitativ hochwertige SNPs sollten sich die Punktwolken gut trennen (in die Genotypen aa, ab und bb)

12.3 Maße zur Bewertung der Clusterplotirregularität

12.3.1 Typische SNP-QC Maße

- Fishers Linear Discriminant (FLD)
 - Problem:
 - Man bildet für die drei Gruppen (aa, ab und bb) jeweils die Mittelwerte der Einträge auf der x-Achse

- Filterkriterium: $FLD < 3.6$
- Homozygote Ratio Offset (HomRO)
 - Problem: Homozygotencluster sollte ungefähr symmetrisch liegen
 - Filterkriterium:
 - * 3 Cluster: $HomRO < -0.9$
 - * 2 Cluster: $HomRO < 0.3$
 - * 1 Cluster: $HomRO < 0.6$
- Heterozygous Cluster Strength Offset (HetSO)
 - Problem: Der AB-Cluster sollte höhere Intensität haben als von den AA / BB-Intensitäten zu erwarten wäre
 - HetSO ist der vertikale Abstand vom Mittelpunkt des AB-Clusters zur Verbindungslinie zwischen den Mittelpunkten des AA- und BB-Clusters
 - Filterkriterium: $HetSO < -0.1$

12.3.2 Typische Sample-QC Maße

- Callrate
 - Problem:
 - SNP-Call-Rate = $\frac{\#Calls\ für\ SNP}{\#Individuen}$
 - Filterkriterium: $SNP\text{-}Call\text{-}Rate < 97\%$
- Hardy-Weinberg Gleichgewicht
 - Problem: Verletzung des Hardy-Weinberg Gleichgewicht
 - Filterkriterium: $p < 10^{-6}$
- Minor allele frequency (MAF)
 - Problem: SNPs mit sehr geringer MAF sind aufgrund kleiner Cluster schlecht zu callen und haben außerdem nur geringen Informationsgehalt für Einzel-SNP-Assoziationen
 - Filterkriterium: $MAF < 2$
- Platten-Assoziation
 - Problem: Batcheffekte
 - mit Chi-Quadrat-Tests kann überprüft werden ob sich die Allelfrequenzen zwischen Platten unterscheiden
 - Filterkriterium: $p < 10^{-7}$

12.4 Aufgaben zur Übung 12

13 V13

Weitere Sample-Filter beruhen auf:

- Geschlechts-Analyse
- Verwandtschafts-Analyse
- Hauptkomponenten-Analyse (PCA nach den englischen „principal component analysis“)

13.1 Interpretation X-Y Intensitätsplots

Geschlechts-Analyse

- notwendig da zwei Quellen für das Geschlecht eines Probanden zur Verfügung stehen:
 - Probandendatenbank
 - Geschlechtsbestimmung beim Calling (computed gender)
 - Problem: computed gender wird (bei Affymetrix) nur über Heterozygotität des X-Chromosoms bestimmt
- Regel: DB-Geschlecht \neq calling-Geschlecht \rightarrow Proband filtern (obwohl mitunter auch DB-Eintrag falsch sein kann)
- weiteres Problem: beim Calling gibt es drei Geschlechtseinstufungen: female, male und unknown (für unknown Entscheidung anhand eines X-Y-Intensity-Plots & DB-Geschlecht)

Unregelmäßigkeiten in X-Y-Intensity-Plots

- YYX-Männer
- Frauen mit höherer Y-Intensität
- Monosomie X
- ungewöhnliche X-Heterozygotität (Poly-X-Frauen)
- Geschlechtswidersprüche (gemessen vs. Datenbank)

13.2 Interpretation PCA

- vergleiche Grundlagen
- kann zur Plausibilisierung der Daten genutzt werden (Vergleich mit Referenz-Populationen)
- Identifikation von Ausreißern (ethnisch, schlechte Genotypisierung)
- Plausibilisierung von ethnischen Angaben (DB)
- Achtung - PCA interagiert mit Verwandtschaft!
 - verwandte Individuen sind i.d.R. PCA – Outlier
 - Lösung: „Drop one in procedure“ – sehr aufwendig

kann folgendes darstellen:

- Ethnische Ausreißer
- Batch-Effekte
- Plattform-Effekte
- Substrukturen in der Kohorte

13.3 CNV Detektion mit SNP-Array und Interpretation von R-Ratio und B-Allelfrequency plots

Problem

- CNV-Bestimmung aus Microarrays arbeitet direkt mit den Allel-Intensitäten
- kurze CNVs nur über spezielle CNV-Sonden detektierbar (z.B. Affymetrix SNP 6.0)
- mittellange CNVs i.d.R. auch schlecht detektierbar, Ergebnisse stark von Plattform abhängig
- nur sehr lange CNVs sind gut detektierbar (z.B. Tumor-DNA)
- SNP-Arrays nur bedingt für Keimbahn-CNV-Analyse geeignet (besser Sequenzierung)

R Ratio: Beobachtete Intensität / Referenzintensität, bei höherer Intensität Duplikation, bei geringerer Deletion

B-Allelhäufigkeit: Anzahl der Banden ergeben Ordnung der CNV (z.B. Anzahl Duplikationen)

14 V14

14.1 Prinzip der Genotyp-Imputation

Hintergrund: bei nichteindeutiger Clusterzuordnung der Intensitäten beider Allele wird Genotyp auf „fehlend“ gesetzt → „Löcher“ im Datensatz

→ durch Imputation können diese fehlenden Genotypen geschätzt und ersetzt werden

Mögliches Vorgehen:

- Ausfüllen der Löcher im Datensatz ohne Referenz
- Ausfüllen der Löcher im Datensatz mit Referenz
- Schätzen von nichtgemessenen Genotypen mittels Referenz

Nutzen:

- Vervollständigen der Daten für Analysezwecke
- Konstruktion einer gemeinsamen Marker-Menge für genetische Metaanalysen von Studien mit unterschiedlichen Genotypisierungsplattformen
- Erhöhung der Power
- Korrektur von Genotypisierungsfehlern (in geringem Maße)

Problem:

- Imputation ist ein Schätzverfahren
- Unsicherheit der resultierenden Genotypen muss bei der nachfolgenden Analyse geeignet berücksichtigt werden

14.2 Aufbau eines HMMs

siehe Vorlesung

14.3 Probleme des Referenzabgleichs

Problem: Die Daten müssen zur Referenz insbesondere deren Annotationen passen

Wichtige Informationen zu SNP-Daten werden mit zwei Versionsangaben versehen:

- **NCBI build (reference genome)**
 - Angaben zur Lage der SNPs im humanem Genom
 - betrifft Chromosom und Basenposition
 - beides kann sich zwischen Versionen verändern
- **dbSNP build**
 - Database of single nucleotide polymorphisms (SNPs) and multiple small-scale variations
 - gelistete SNPs werden auf Referenzgenom gemappt
 - alle SNPs erhalten eine offizielle “rsID” als SNP identifier (ändert sich zwischen Versionen!)

Vorgang

1. Eigene SNPs brauchen eine rsID: Falls keine gefunden, muss SNP gefiltert werden oder über Position auf Referenz abgebildet werden
2. NCBI build der eigenen Daten muss mit dem des Referenzdatensatzes übereinstimmen: Falls nicht gegeben, muss einer der Datensätze geliftet werden (vorzugsweise der eigene Datensatz)
 - Hilfreiches Tool: LiftOver der UCSC (später)
 - Liftet SNPs anhand der gegebenen Positionen von einer Version des Human Genomes (HG-Version) zur nächsten
 - ändert nur Positionsangaben, die richtigen rsIDs für neue Positionen müssen selbst gesucht werden
 - dabei können SNPs verloren gehen
3. dbSNP build Identifier der eigenen Daten muss mit dem des Referenzdatensatzes übereinstimmen: Falls nicht gegeben, muss über die Positionsangaben aus dem gewünschten dbSNP build die korrekte rsID ermittelt werden
 - Achtung: für einige Positionen gibt es mehrere rsIDs
 - wenn möglich, rsID des Referenzdatensatzes übernehmen
4. SNP-Informationen sollten zwischen Referenz und eigenem Datensatz übereinstimmen

- identische Positionsangaben
- identische rsIDs
- identische Basenkombination (bzgl. des richtigen Strangs)
- Letzteres erfordert erfahrungsgemäß die meisten Probleme insbesondere bei A/T, C/G SNPs und Frequenzen nahe 50%
- Alle SNPs mit ungeklärten Widersprüchen sollten aus den eigenen Daten gefiltert werden, werden „mit etwas Glück“ durch Imputation wieder eingebracht

14.4 Messen der Imputationsqualität

Imputation liefert zwei relevante Wahrscheinlichkeiten:

- p_1 = Wahrscheinlichkeit für Heterozygot
- p_2 = Wahrscheinlichkeit für Homozygot BB

Wenn die wahren Genotypen bekannt sind, kann man Maße der Imputationsgüte über Abstände von Verteilungen definieren: **Was ist das alles???**

Die wahren Genotypen sind i.d.R. jedoch nicht bekannt. Die Imputationsgüte wird dann aus der Abweichung der geschätzten Genotypverteilung von der zufällig erwarteten (durch Raten) ermittelt:

Alleldid B des i-ten Individuums des j-ten SNPs: $e_{ij} = p_{ij1} + 2p_{ij2}$

???: $f_{ij} = p_{ij1} + 4p_{ij2}$

Empirische Allelfrequenz des j-ten SNPs: $\hat{\theta} = \frac{\sum_{i=1}^N e_{ij}}{2N}$

MaCH r^2

empirische Varianz der Genotypen geteilt durch die unter HWE erwartete Varianz

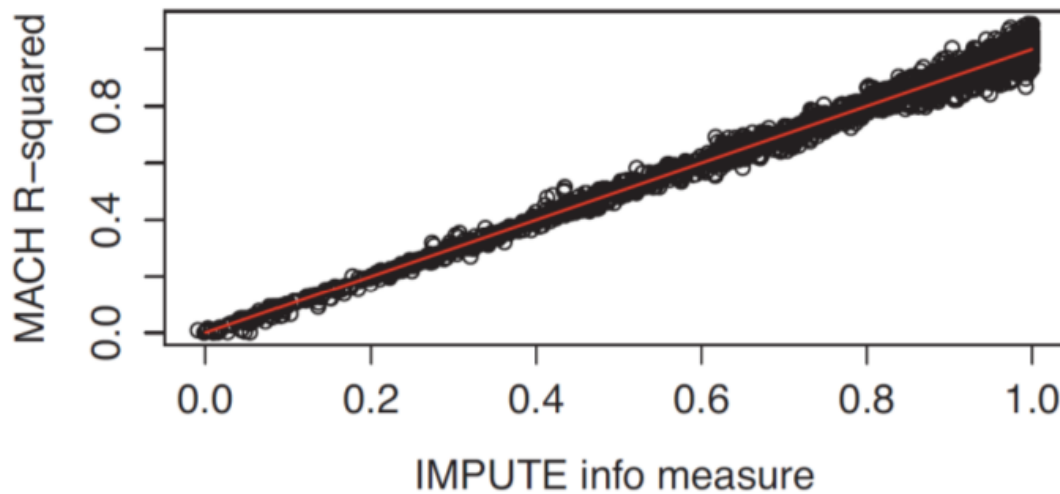
$$\hat{r}_j^2 = \begin{cases} \frac{\frac{\sum_{i=1}^N e_{ij}^2}{N} - (\frac{\sum_{i=1}^N e_{ij}}{N})^2}{2\hat{\theta}(1-\hat{\theta})} & \text{when } \hat{\theta} \in (0, 1) \\ 1 & \text{when } \hat{\theta} = 0, \hat{\theta} = 1 \end{cases}$$

IMPUTE info score

1-Varianz der geschätzten Genotypen / Varianz der Genotypen bei zufälliger Stichprobenziehung mit θ

$$I_A = \begin{cases} 1 - \frac{\sum_{i=1}^N (f_{ij} - e_{ij}^2)}{2N\hat{\theta}(1-\hat{\theta})} & \text{when } \hat{\theta} \in (0, 1) \\ 1 & \text{when } \hat{\theta} = 0, \hat{\theta} = 1 \end{cases}$$

führt zu Plot:



14.5 Einflußfaktoren auf die Imputationsqualität

- Referenzgenom
- Software (auf Ethnien)

14.6 Problematik der Assoziationsanalyse mit imputierten Genotypen

Die Unsicherheit bei der Imputation von Genotypen muß bei der Analyse berücksichtigt werden.

Variante 1 (best-guess genotype): Man nimmt den Genotyp mit der höchsten posterior-Wahrscheinlichkeit und rechnet mit diesem weiter. Mitunter werden dabei zu geringe posterior-Wahrscheinlichkeiten auf „missing“ gesetzt (=neue Löcher).

Variante 2 (Alleldosis): Man bestimmt die Erwartung der posterior-Verteilung (=Alleldosis) und rechnet mit dieser weiter.

Variante 3 (Mischmodell): Man fittet ein Mischmodell an (nicht zu verwechseln mit „mixed model“!).

z.B. Additives Modell:

$$f_k(\mu, \beta, \epsilon_i) = \begin{cases} \mu + \epsilon_i, & k = 0 \\ \mu + \beta + \epsilon_i, & k = 1 \\ \mu + 2\beta + \epsilon_i, & k = 2 \end{cases}$$

$$y_i = \sum_{k=0}^2 p_{ki} f_k(\mu, \beta, \epsilon_i)$$

Erfordert numerische Optimierung der Likelihood \rightarrow Höherer Rechenaufwand

Variante 4 (Score-Test): Wird als „state of the art“ angesehen

Score-Funktion (L=Likelihood, θ =genetischer Effekt): $U(\theta) = \frac{\delta \log L(x, \theta)}{\delta \theta}$

Fisher-Information: $I(\theta) = -E\left[\frac{\delta^2}{\delta \theta^2} \log L(x, \theta)\right]$

Verteilung unter H_0 : $S(\theta_0) = \frac{U(\theta_0)^2}{I(\theta_0)} \sim \chi_1^2$

Problematisch ist die mangelnde Stabilität dieses Ansatzes, bei kleinen Allelfrequenzen!

15 VL15

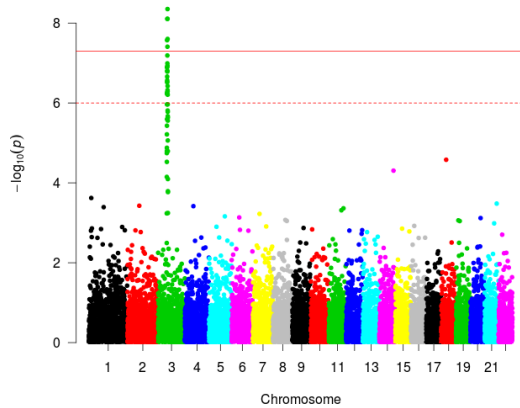
GWAS Aufgaben

- Assoziationstests
 - Einzel-SNP, verschiedene genetische Modelle
 - Scoring-Tests
 - Haplotypbasierte Analysen, Fine-Mapping
 - Metaanalyse
 - SNPxSNP, SNPxKovariablen Interaktionen
 - Subgruppenanalysen (Power-Problem)
- Post-Analyse QC
- Graphische Aufbereitung
- Extraktion von Kandidaten
- Replikation
- Vergleich mit Online Ressourcen

15.1 Pedigree Format

- Jede Zeile ein Individuum
- Vier IDs: Familie, Individuum, Vater, Mutter
- Vater, Mutter – ID muß als Individuum-ID auftreten (0 = fehlend)
- Pro SNP zwei Spalten (Allele)
- Datenformat erforderlich für viele Softwarepakete
- (Gewisse) Familienstruktur ist mit gegeben

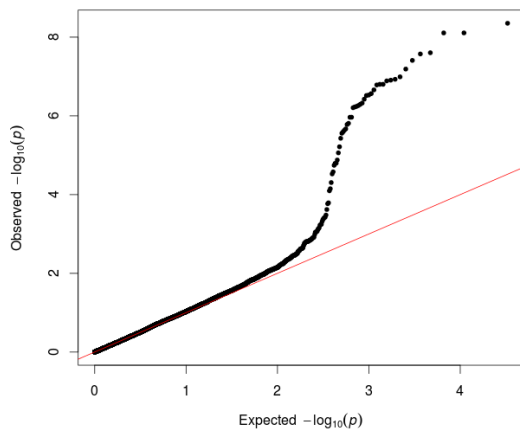
15.2 Manhattan Plots



Suggestive-Grenze= 10^{-6}
Genomweite Grenze= $5 \cdot 10^{-8}$

15.3 QQ-Plots

Idee: Die Mehrzahl der SNPs sollte nicht assoziiert sein, d.h. einer Nullverteilung entsprechen

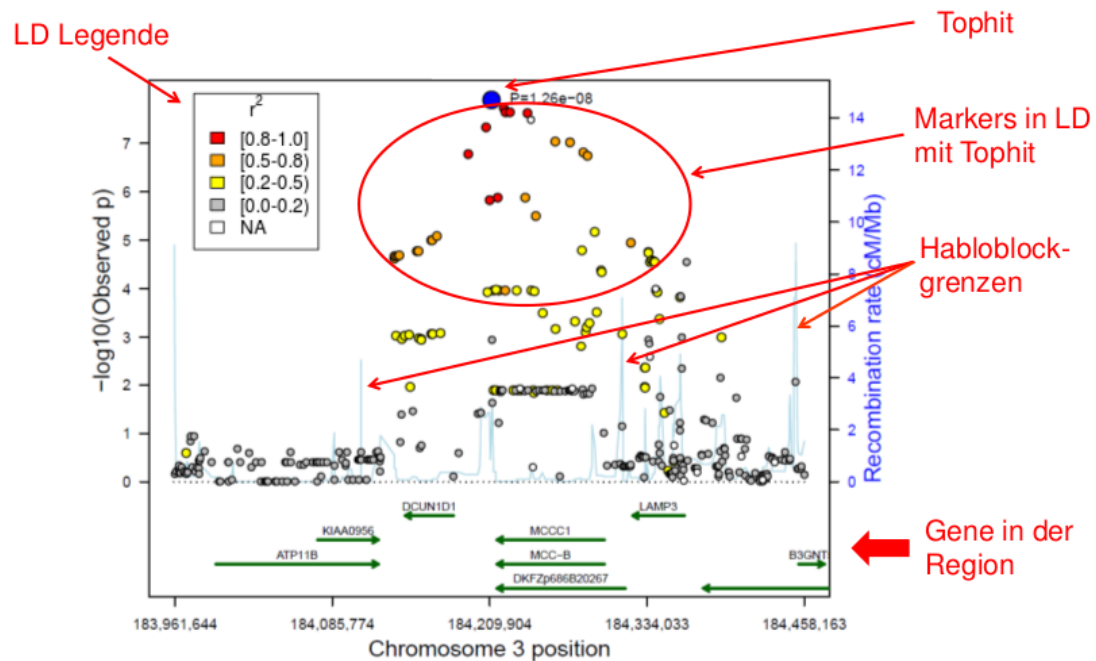


Wenn Punkte der Mittellinie bis zur Mitte folgen \rightarrow Inflation der Teststatistiken
 \rightarrow erfordert Korrektur

Genomic Control:

Inflationsfaktor λ berechnen, wenn $\lambda < 1.05 \rightarrow$ keine Korrektur notwendig \Rightarrow siehe **Genomic Control**

15.4 Regional Association plot (RA)



Was kann man hier so ablesen?

15.5 Genomic Control

Seien Y_1^2, \dots, Y_m^2 unabhängige, Chi-Quadrat-verteilte Zufallsvariablen (z.B. aus Fall-Kontrolltests, m = Anzahl Marker)

Unter H_0 (keine Assoziationen) gilt: $\text{median}(\tilde{Y}_1^2, \dots, \tilde{Y}_m^2) = 0,456$

Definiere Inflationsfaktor: $\lambda = \frac{\text{median}(Y_1^2, \dots, Y_m^2)}{0,456}$

Korrigiere Teststatistiken: $(\bar{Y}_1^2, \dots, \bar{Y}_m^2) = \frac{Y_1^2, \dots, Y_m^2}{\lambda}$

Wie kommt man von p-Werten zu Chi-Quadrat-verteilte Zufallsvariablen?

16 V16

17 V17

18 V18

18.1 Fixed-effects Modell

Schätzung (Fixed-effect Modell):

Angenommen die wahren Effekte sind zwischen den Studien homogen:

$$\theta_1 = \theta_2 = \dots = \theta_k$$

Dann ist $\hat{\theta} = \frac{\sum_{i=1}^k \hat{\theta}_i \cdot w_i}{\sum_{i=1}^k w_i}$ ein Schätzer des gemeinsamen Effekts θ . Ein 95%-

Konfidenzintervall kann abgeleitet werden: $\hat{\theta} \pm 1.96 \cdot \sqrt{\frac{1}{\sum_{i=1}^k w_i}}$

18.2 Random-effects Modell

Schätzung (Random-effects Modell):

Angenommen die Effekte sind zwischen den Studien heterogen. Nehmen hierarchisches Modell an, um die Effekte zu kombinieren. Hierzu wird angenommen, dass die wahren Effekte der Studien θ_i normalverteilt sind mit Mittelwert θ :

Das heisst $\theta_i \sim N(\theta, \tau^2)$ mit Varianz τ^2 welche die Heterogenität der Studien quantifiziert. Warum τ^2 ???

In jeder einzelnen Studie hat man $\theta_i \sim N(\theta, w_i^{-1})$ mit den Gewichten aus dem Fixed-effect Modell.

Für die Randverteilung von θ_i gilt: $\theta_i \sim N(\theta, w_i^{-1} + \tau^2)$

Deshalb hat unter einem Random-effects Modell der Fixed-effect Schätzer $\hat{\theta}$ immer noch die Erwartung θ aber eine größere Varianz

$$\text{var}(\hat{\theta}) = \frac{\sum w_i^2 \cdot \text{var}(\hat{\theta}_i)}{(\sum w_i)^2} = \frac{\sum w_i \cdot (w_i^{-1} + \tau^2)}{(\sum w_i)^2} = \frac{1}{\sum w_i} + \frac{\tau^2 \sum w_i^2}{(\sum w_i)^2}$$

entsprechend hat das Random-effects Modell den selben Schätzer des Meta-Effekts aber eine größere Varianz (und folglich größeres Konfidenzintervall, größere p-Werte usw.).

18.3 Fixed effect versus Random effects Modell

Fixed effect

- Konsistent mit der globalen Nullhypothese
- Homogenitätsannahme könnte unrealistisch sein
- Vorliegende Heterogenität muss erklärt werden
- Äquivalent zu einem „random intercept“-Regressionsmodell

Random effects

- Inkonsistent mit der globalen Nullhypothese
- Formale Berücksichtigung der Heterogenität
- Annahme Normalverteilung der Studieneffekte könnte auch unrealistisch sein
- Äquivalent zu einem „random slope-random-intercept“-Regressionsmodell

18.4 Forest plot

zeigt:

- Effekte der einzelnen Studien + Konfidenzintervall
- Gewichte der Studien
- Meta-Effekte und qualitative Bewertung der Heterogenität

18.5 Permutationstest

- Dilemma:
 - Fixed Effect Modell berücksichtigt mögliche Heterogenität nicht
 - Random Effects Modell ist genomweit überkonservativ (λ typischerweise deutlich kleiner 1)
- Idee: Man testet auf Heterogenität und entscheidet sich dann für das “richtige” Modell
- Problem: Dieser Sequentialtest hält das Irrtumsniveau nicht ein, ein Aspekt der selbst in einigen hochrangigen Publikationen nicht ausreichend berücksichtigt wurde
- **Lösung: Permutationstest**

Permutationstests gehören zu den so genannten nichtparametrischen Verfahren und beruhen auf “Resampling” (Analogie zu Jackknife/Bootstrap)

- Idee:
 - Bei Tests werden i.d.R. zwei (oder mehr) Größen miteinander in Beziehung gesetzt
 - Unter der Nullhypothese “kein Zusammenhang” sollte die Verbindung zwischen den Größen egal sein
 - Betrachte alle möglichen Verbindungen (oder eine Zufallsziehung daraus) und überprüfe, ob der vorliegende Zusammenhang extrem ist (z.B. in weniger als 5% der möglichen Fälle auftritt)

Dieses Prinzip läßt sich auf viele komplexe Situationen anwenden, ist aber auch sehr rechenintensiv

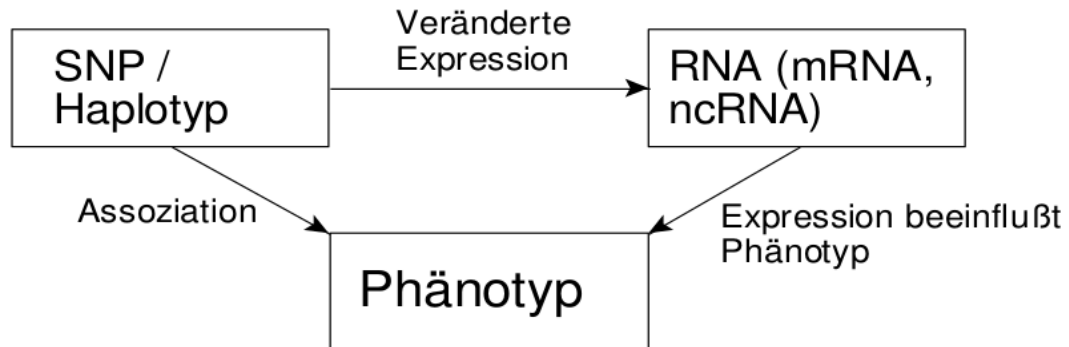
- Beispiel: Mittelwertsvergleich zwischen zwei Gruppen (**Varianzgleichheit erforderlich!**)
- Gruppen: 0, 1, Fallzahlen: n_0, n_1 , Werte: x_{0i}, x_{1j} mit $i=1,\dots,n_0, j=1,\dots,n_1$
- Berechne die Differenz der Mittelwerte μ_0 und μ_1 der zwei Gruppen: $d = \mu_0 - \mu_1$
- Lege eine Reihenfolge der Messwerte fest und permutiere die zugehörigen Gruppenlabels
- Berechne erneut die o.g. Differenz
- Wiederhole das Verfahren für alle Permutationen (exakter Test) oder für eine zufällige hinreichend große Auswahl an Permutationen

- Die so erhaltenen Differenzen liefern die Nullverteilung
- Die ursprüngliche Differenz wird mit dieser Nullverteilung verglichen (Man kann z.B. bestimmen, wieviel Prozent der Differenzen betragsmäßig größer sind als d . Dies liefert einen (empirischen) zweiseitigen Permutationstest p -Wert bezüglich der Hypothese $d=0$)

19 V19

19.1 Typische Konzepte der Genexpressions-Präprozessierung

Motivation



Genotyp-Phänotyp Assoziationen ergänzt durch funktionelle Analysen (z.B. Genotyp-Expression oder Expression-Phänotyp Korrelationen) ergeben Hinweise auf Pathomechanismen.

Prozessierung:

- RNA Extraktion
- RNA Aufreinigung / Fällung
- Sondensynthese / Hybridisierung / Scan
- Datenpräprozessierung (Normalisierung, Varianzstabilisierung, Filterungen, Adjustierungen) → Ziel: vertrauenswürdige Daten
- Datenanalyse

Typische Designfalle

- Wenn bei einer Fall-Kontroll-Studie die Fälle und Kontrollen in verschiedenen Batches laufen, hat man hinterher kaum eine Chance, Batcheffekte von den interessanten Kontrasten zu unterscheiden
- Ideal ist eine Balancierung der Fälle und Kontrollen
- Eine gleichmäßige Verteilung ist auch ok
- Deshalb ist es wichtig, den Meßprozeß bereits aus Sicht einer späteren Auswertung zu beeinflussen

Vergleich verschiedener Normalisierungs- und Varianzstabilisierungsmethoden

- **Hintergrundkorrektur:** Korrektur der Kontraste innerhalb eines Arrays
- **Normalisierung:** Angleichung der Intensitäten unterschiedlicher Arrays
- **Varianzstabilisierung:** Angleichung der Streuung unterschiedlicher Transkripte

Bestes Vorgehen hängt von Technologie und Frage ab

Präprozessierung Illumina HT12v4 (Beispiel)

1. **Ausgangspunkt:** Genexpressionsintensitäten von 47.000 Sonden
2. **Individuenfilter 1:** Individuen mit geringer genomweiter Genexpression
3. **Transkriptfilter 1:** Signal-to-noise Filter
4. **Reduktion technischer Artefakte 1:** Quantilnormalisierung, Varianzstabilisierung (log2-Transformation)
5. **Individuenfilter 2:** Individuen mit atypischen technischen Qualitätsparametern
6. **Reduktion technischer Artefakte 2:** Reduktion von Batcheffekten mittels Empirical Bayes Methoden
7. **Individuenfilter 3:** Ausreißer bezüglich Genexpression
8. **Reduktion biologischer Artefakte 3:** Residualisierung bezüglich Alter, Geschlecht, Blutwerte (Mo, Ly, Gra, Ret), Rauchen, ggf. unbekannter Batch-Effekte

Resultat der Präprozessierung: 28.000 Sonden

Was heißt „exprimiert“?

- Man prüft Intensität des Transkripts im Vergleich mit Leersonden (Sequenzen die im Genom keine Entsprechung haben, d.h. nicht hybridisieren sollten)
- Detection p-value = Anteil Leersonden mit höherer Expression (kein eigentlicher p-Wert)
- 5% (andere verwenden 1%) als cut-off zur Entscheidung „exprimiert“ vs. „nichtexprimiert“
- Stark gewebsabhängig
- Über alle Gene und Individuen hinweg sind ca. 60% der Gene / Transkripte in Blut (PBMCs) exprimiert

19.2 Typische Filter / Probleme

Individuenfilter 1

- Individuen mit atypischer Zahl exprimierter Gene

Transkriptfilter 1

- Transkript wird gefiltert, wenn z.B. in weniger als 5% der Individuen exprimiert
- Z.B. im Blut: Von den Genen sind ca. 60% in mehr als 5% der Individuen transkribiert, also gültig bzgl. Transkriptfilter 1

Quantilnormalisierung

- Idee: Bilde Quantile der Intensitäten aufeinander ab um Intensitätsprofile anzugleichen

Reduktion technischer Artefakte 1

- QL = Quantilnormalisierung + log2-Transformation(Varianzstabilisierung)
- Für was steht QL?

Individuenfilter 2

- Idee: Exkludiere Individuen mit atypischen Ergebnissen in speziellen Kontrollsonden
 - Filtere Individuen mit zu großem Mahalanobis-Abstand zum Mittelwert der internen Qualitätsparameter = atypische (schlechte) Qualität
 - **Mahalanobis-Abstand:** Seien x, y Realisierungen einer multinominalen Normalverteilung mit Kovarianzmatrix S (in unserem Falle stellen die Qualitätsparameter für ein Sample eine solche Realisierung dar), so berechnet sich die Mahalanobisdistanz wie folgt:
$$d(x, y) = \sqrt{(x - y)^T S^{-1} (x - y)}$$
 Was ist T ???

Reduktion technischer Artefakte 2

- Batch-Effekte verursacht durch Meßprozeß (hauptsächlich Hybridisierung)
- Problem: Viele Batches geringer Größe → keine klassische Adjustierung möglich (Regression)
- Lösung: Empirical Bayes – Verfahren

Individuenfilter 3

- Idee: Betrachte Genexpression als multivariaten Phänotyp, Filtere Individuen mit zu großem Abstand vom Zentrum = atypisches Expressionsprofil

Reduktion technischer Artefakte 3

- Adjustierung auf biologische Faktoren

19.3 Konzepte für Anreicherungsanalysen

Anreicherungsanalysen = Überrepräsentationsanalyse

Verwendet z.B. hypergeometrische Verteilung, um die Wahrscheinlichkeit zu bestimmen, in einer Anzahl von Versuchen (Vordergrund) eine bestimmte Anzahl Treffer in der Gesamtmenge (Hintergrund) zu erzielen

Wie groß ist die Wahrscheinlichkeit (p-Wert) dass genau 260 Gene (von 747) auf die Erkrankung abbildbar sind, gegeben dass 3005 dieser Gene im Hintergrund sind (13,101 genes)? → **Hypergeometrischer Test / Fisher's exakter Test**

Limitationen

- Reihenfolge der Assoziationsstärke der Top-Hits wird nicht beachtet
- Richtung der Effekte wird nicht beachtet
- Richtung von Gen-Gen-Interaktionen wird nicht beachtet
- Verschiedene Cut-offs für Genlisten erzeugen unterschiedliche Ergebnisse
- Überlappungen zwischen Pathways werden nicht berücksichtigt (Unabhängigkeit der Tests ist nicht gegeben)
- Signifikanz wird tendenziell überschätzt, wenn ein Gen in vielen Pathways liegt
- **P-Werte aus diesen Analysen sollten eher als qualitative Orientierung dienen und keinesfalls überbewertet werden**

Functional Class Scoring: GSEA

- GSEA: gene set enrichment analysis
- Ordnung der Gene nach Signifikanz. Liegen Gene eines Subsets tendenziell weiter vorn in der Liste?
- Signifikanztest per Komolgorov Smirnov/Permutation
- Vorteile:
 - Benötigen keinen Cutoff der Topliste
 - Sensitiv zu kleineren Effekten, wenn Sie alle im gleichen Pathway liegen
- Limitationen
 - Überlappungen zwischen Pathways werden nicht beachtet
 - Richtung des Zusammenhangs wird nicht beachtet

- Richtung von Gen-Gen-Interaktionen wird nicht beachtet

Pathway Topologie

Bewertet nicht nur Vorkommen des Gens im Pathway, sondern auch Rolle des Gens: Beeinflusst es zentral mehrere Gene (a) oder weniger (b) erzeugen verschiedene Ergebnisse **Wie muss ich das lesen???**

Limitationen

- Überlappungen zwischen Pathways werden nicht beachtet
- Topologische Annotationen oft nur eingeschränkt verfügbar
- Verlässlichkeit des eingepreisten Wissens nicht berücksichtigt
- Verschiedene Cut-offs erzeugen verschiedene Ergebnisse

20 V20

20.1 eQTL

20.2 Cis/trans Effekte

20.3 Bedeutung von eQTLs

20.3.1 Für Verständnis der Regulation der Genexpression

20.3.2 Zur Erklärung genetischer Assoziationen

21 V21