

tess3r : un package R pour l'estimation de la  
structure génétique des populations spatialisées  
Étude du jeux de données *Arabidopsis thaliana* RegMap

Kevin Caye<sup>1</sup>, Olivier Michel<sup>2</sup>, Olivier Francois<sup>1</sup>

<sup>1</sup> TIMC-IMAG, <sup>2</sup> GIPSA-lab

23 juin 2016



## Les données : *Arabidopsis thaliana*



Les données génétiques :

	chr : 1 pos : 657	chr : 1 pos : 3102	chr : 1 pos : 4648
02B6	1	1	1
09A3	1	0	1
12A1	1	1	1
13B5	0	0	0

# Les données : *Arabidopsis thaliana*

Les données spatiales :

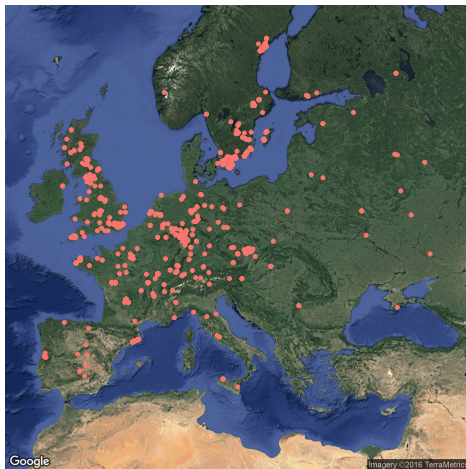


Figure 1 – Coordonnées spatiales de chaque plante *Arabidopsis thaliana*.

# La structure génétique des populations

Hypothèses :

- ▶ le génome de chaque individu provient de  $K$  populations ancestrales
- ▶ deux individus proches dans l'espace se ressemblent.

On veut estimer :

- ▶ les fréquences de génotype dans les  $K$  populations ancestrales pour chaque locus
- ▶ les coefficients de métissage pour chaque individu.

# Les coefficients de métissage

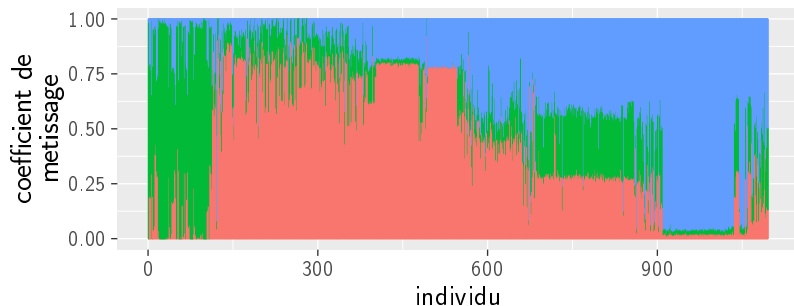


Figure 2 – Coefficients de métissage pour  $K = 3$  populations ancestrales.

# Interpolation spatiale des coefficients de métissage

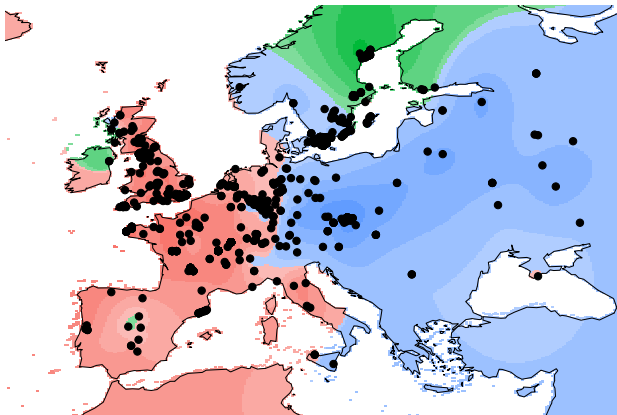


Figure 3 – Interpolation spatiale des coefficients de métissage.

# Différence entre les populations ancestrales

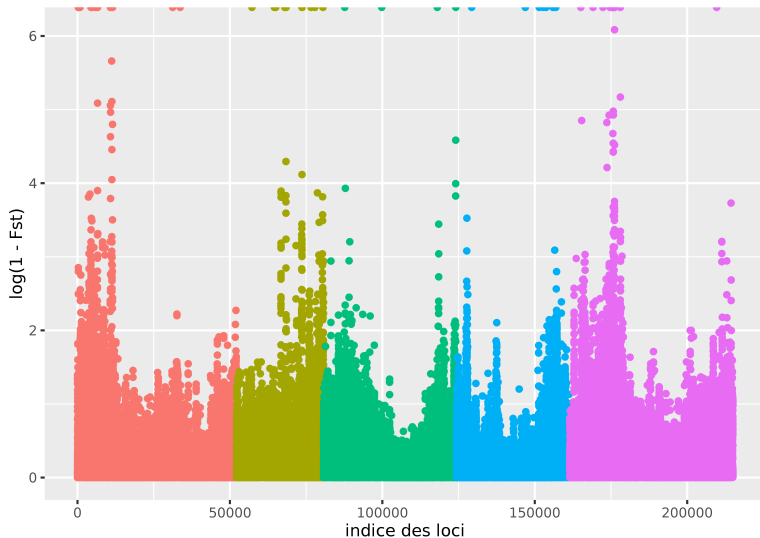


Figure 4 – Manhattan plot pour  $K = 3$  populations ancestrales.

# Selection du nombre de populations ancestrales

On choisi  $K = 6$  populations ancestrales.

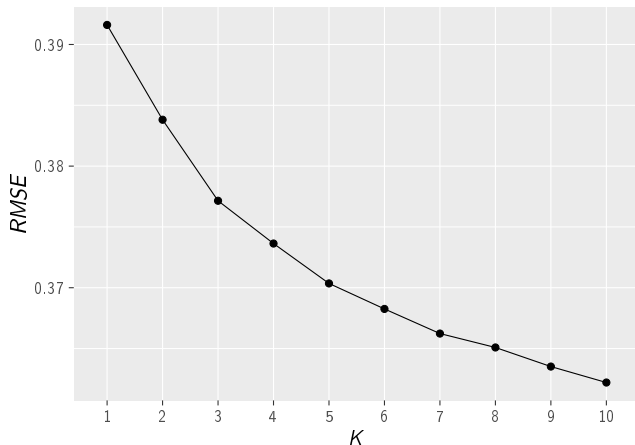


Figure 5 –  $RMSE$  en fonction du nombre de populations ancestrales



# Selection de l'échelle de l'autocorrelation spatiale

On choisi *sigma* = 1.5 pour le paramètre d'échelle de l'autocorrelation spatiale.

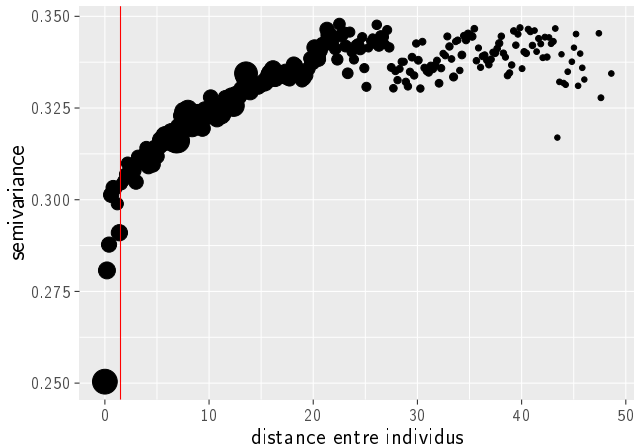


Figure 6 – Semi variogramme

## Coefficients de métissage avec $K = 6$ et $\sigma = 1$

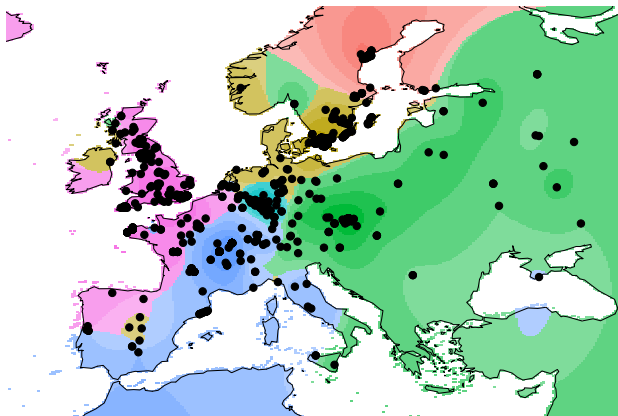


Figure 7 – Interpolation spatiale des coefficients de métissage pour  $K = 6$  populations ancestrales.

# Détection de l'adaptation à l'environnement

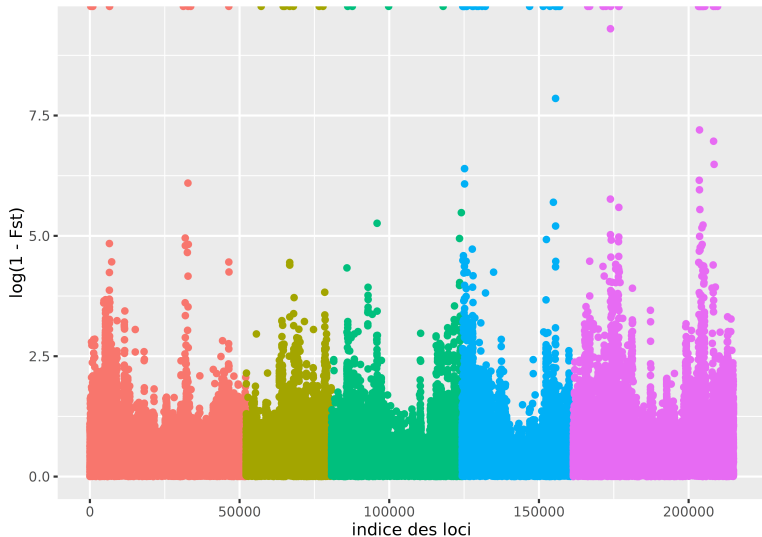


Figure 8 – Manhattan plot pour  $K = 6$  populations ancestrales.

# Détection de l'adaptation à l'environnement

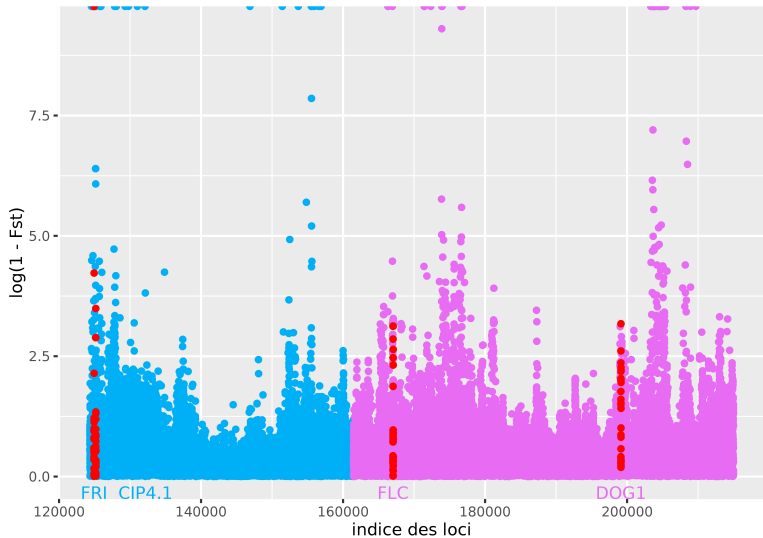


Figure 9 – Manhattan plot pour  $K = 6$  populations ancestrales.

# Merci de votre attention

Version beta disponible sur github :

```
devtools::install_github("cayek/TESS3_enchosen@master")
```

Merci de votre attention !