



Formation sur les logiciels de reconstruction de génomes mosaïques sous galaxy

<http://cc2-web1.cirad.fr/galaxydev> et <http://galaxy.southgreen.fr/galaxy/>

Projet Genome Harvest

WP1

- Management

- Federate the community around research actions

Characterize genome architecture of crops derived from multiple funder (sub)species

→ mosaic genome structure within crops genome

WP2

→ large structural variations within crops genome

Impact of genome architecture

→ on chromosome recombinaison/segregation

→ on allele (gene) expression

WP3

- Implement

tools in platform

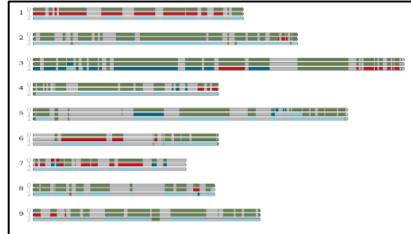
- Capacity building/Training

- Scientific events

WP4

Plusieurs niveaux d'intégration des outils

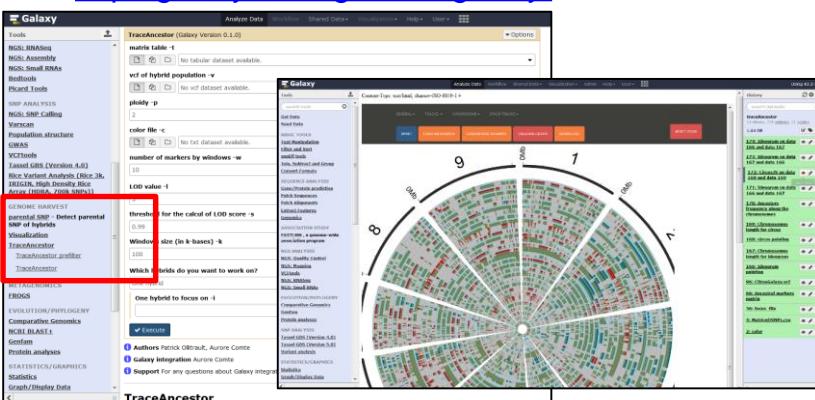
1) Développement d'outils de visualisation



2) Accès aux outils par Galaxy. Développement de wrappers/workflows

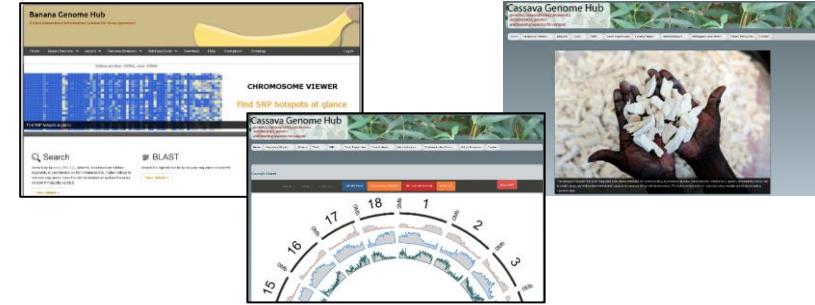


<http://galaxy.southgreen.fr/galaxy/>



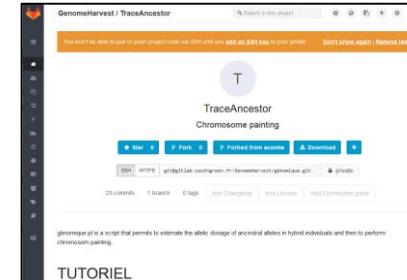
The screenshot shows the Galaxy web interface. On the left, a sidebar lists various tools and analysis types. A red box highlights the "TraceAncestor" tool under the "GENOME HARVEST" section. The main workspace displays a "TraceAncestor (Galaxy Version 3.1.0)" workflow. This workflow consists of several steps: "matrix table - t" (No tabular dataset available), "vcf or hybrid population - v" (No vcf dataset available), "plaidy - p" (No dataset available), "color file - c" (No color file available), "number of markers by windows - w" (No dataset available), and "1 LOD value - l". Below these steps is a "Workflow details" section with a question "What's the result you want to work on?". The right side of the interface shows a circular genome visualization with chromosomes labeled 1 through 9.

3) Connexion des outils aux Genome Hub



The image contains three screenshots. The top left shows the "Banana Genome Hub" with a "CHROMOSOME VIEWER" and a search bar. The middle part shows the "Cassava Genome Hub" with a "CHROMOSOME VIEWER" and a search bar. The bottom right is a photograph of a hand holding a bunch of cassava tubers.

4) Mise à disposition du code et documentation via GitHub/GitLab



The screenshot shows a GitHub repository page for "TraceAncestor". It includes sections for "Code", "Issues", "Parks", "Forced from source", "Downloads", and "private". Below these are "23 commits", "1 branch", and "0 tags". A "TUTORIEL" link is visible at the bottom. The repository URL is "https://github.com/southgreen/TraceAncestor".



WP2

(characterize inter(sub)specific mosaic genome structures)

KDE classifier



python

VCF Hunter



python

TraceAncestor



perl

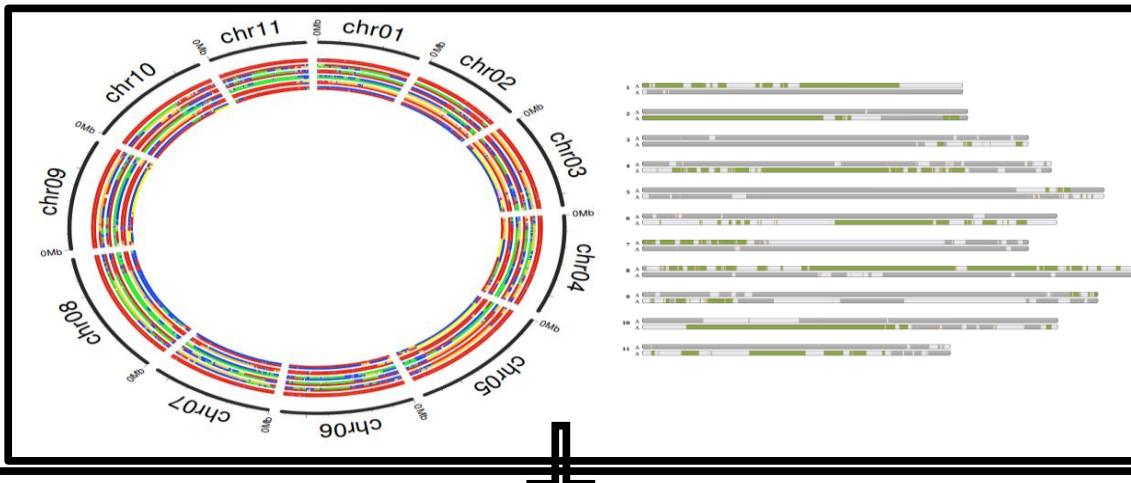
WP3

(impact of genome structure on gene expression)

ASE co-expression

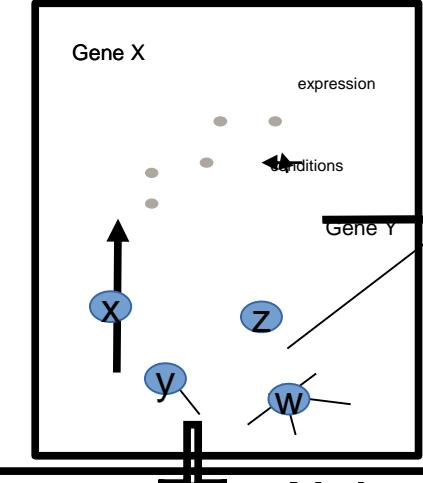


R



Banana Genome Hub

A Next-Generation Information System For Musa genomics



WP2

(characterize inter(sub)specific mosaic genome structures)

KDE classifier



python

VCF Hunter

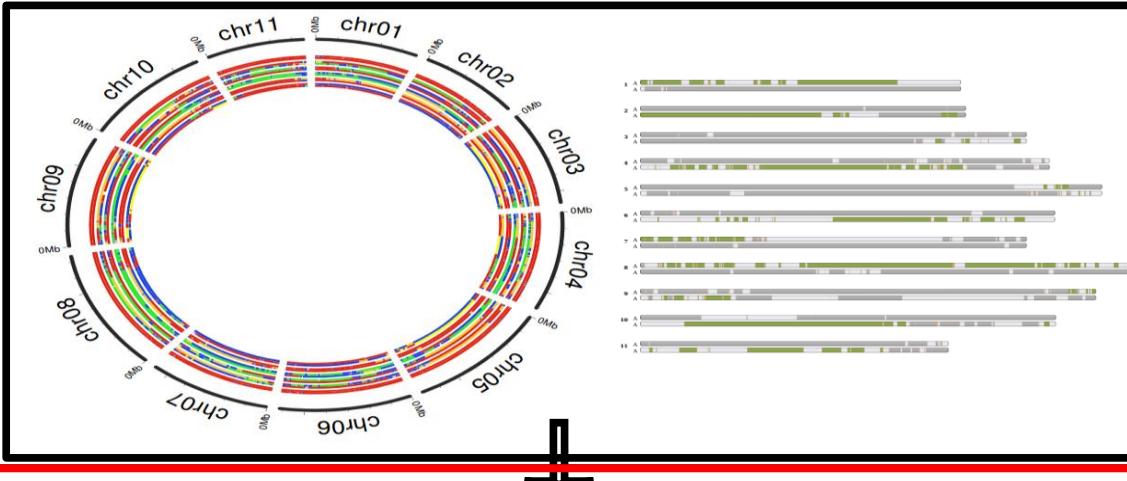


python

TraceAncestor



perl



Galaxy

A Next-Generation Information System For Musa genomics



Galaxy

Tools

[NGS: RNASeq](#)[NGS: Assembly](#)[NGS: Small RNAs](#)[Bedtools](#)[Picard Tools](#)

SNP ANALYSIS

[NGS: SNP Calling](#)[VarScan](#)[Population structure](#)[GWAS](#)[VCFTools](#)[Tassel GBS \(Version 4.0\)](#)[Rice Variant Analysis \(Rice 3k, IRIGIN, High Density Rice Array \(HDRRA_30k_CND_1\)\)](#)

GENOME HARVEST

[parental SNP - Detect parental SNP of hybrids](#)

Visualization

[TraceAncestor](#)[Traceancestor](#)[Markers Detector](#)

METAGENOMICS

FROGS

EVOLUTION/PHYLOGENY

[Comparative Genomics](#)[NCBI BLAST+](#)[Genfam](#)[Protein analyses](#)

STATISTICS/GRAFICS

[Statistics](#)[Graph/Display Data](#)

SOUTHGREEN PROJECTS

[SNiPlay3](#)[Analyze Data](#) [Workflow](#) [Shared Data](#) [Visualization](#) [Admin](#) [Help](#) [User](#)

SouthGreen

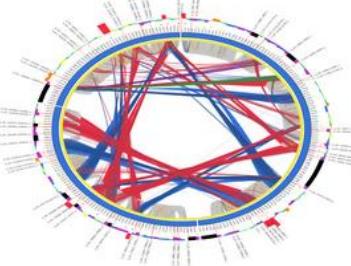
bioinformatics platform

Welcome to GALAXY

Our pre-configured and validated workflows

[NGS analyses](#)[SNP calling](#)[SNP analysis](#)[GWAS](#)

Structural variations



Structural variations

Scaffromodeler can be used to detect large structural variations between a reference sequence and a resequenced genome (Martin et al, 2016)

Input: Fastq + FASTA

[Access workflow](#)[Chram. reconstruction](#)[Metagenomics](#)[Gene families](#)

These workflows as part of the services provided by South Green

How to load big datasets?



Core values

- **Accessibility**
 - Users without programming experience can easily upload/retrieve data, run complex tools and workflows, and visualize data
- **Reproducibility**
 - Galaxy captures information so that any user can understand and repeat a complete computational analysis
- **Transparency**
 - Users can share or publish their analyses (histories, workflows, visualizations)
 - Pages: online Methods for your paper

Pages: interactive, web-based documents that describe a complete analysis.

=> Diffusion des wrappers via le Galaxy ToolShed





Les outils présentés aujourd’hui ne sont pas encore publiés et ne sont pas tous publics.

“Les outils n’étant pas encore publiés et la plupart étant destinés à être valorisés prochainement, l’équipe SEG émet quelques précautions et souhaite que les participants s’engagent à ne pas diffuser les outils développés par l’équipe ou publier sur banane et canne à sucre avec ces approches tant que les outils n’ont pas été publiés par l’équipe.”

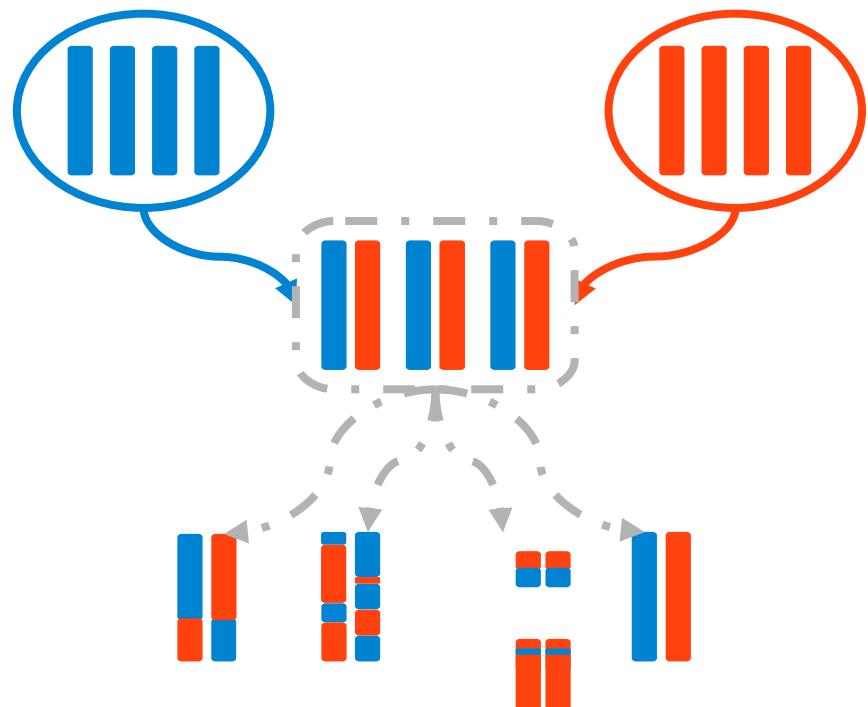
Introduction

- Les évènements d'hybridation entre espèces et sous-espèces sont largement répandus chez les plantes cultivées.

- Brassage génétique → **génomes mosaïques** ayant des origines ancestrales différentes

- **Intérêts ?**

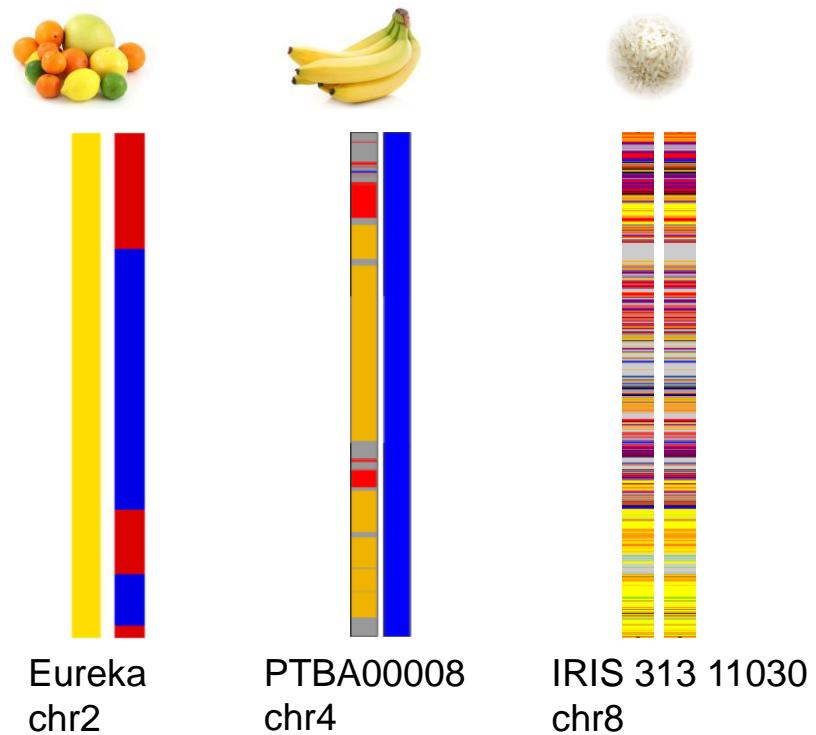
- Histoire de la domestication des plantes cultivées
 - Origines ancestrales de certains traits phénotypiques.



Introduction

- Trois modèles biologiques:

- Nombre d'ancêtres différent (3 à 6)
- 3 niveaux de structure
- Génomes ancestraux plus ou moins bien connus



Introduction

Outil	Organisme sur lequel il a été développé	Nombre d'haplotypes pris en charge	Permet le phasing ou prend en charge données phasées	Méthode	inputs
TraceAncestor	agrume	2 à 4	non	Estimation de la fréquence des allèles ancestraux identifiés par indice GST	VCF + Liste de SNPs diagnostiques
KDE_Classifier	riz	1	non	Kernel Density Estimation	VCF / géno + fichier structure
VCFHunter	banane	N	non	ACP + clusterisation	VCF



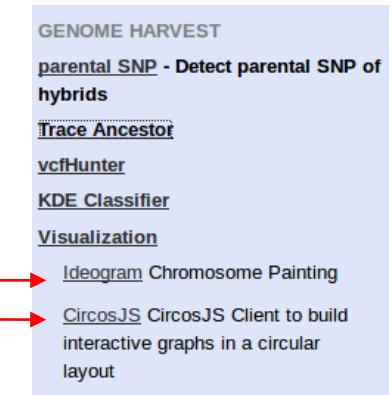
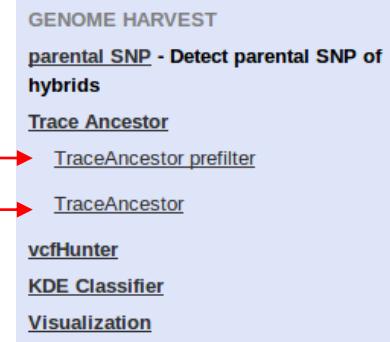
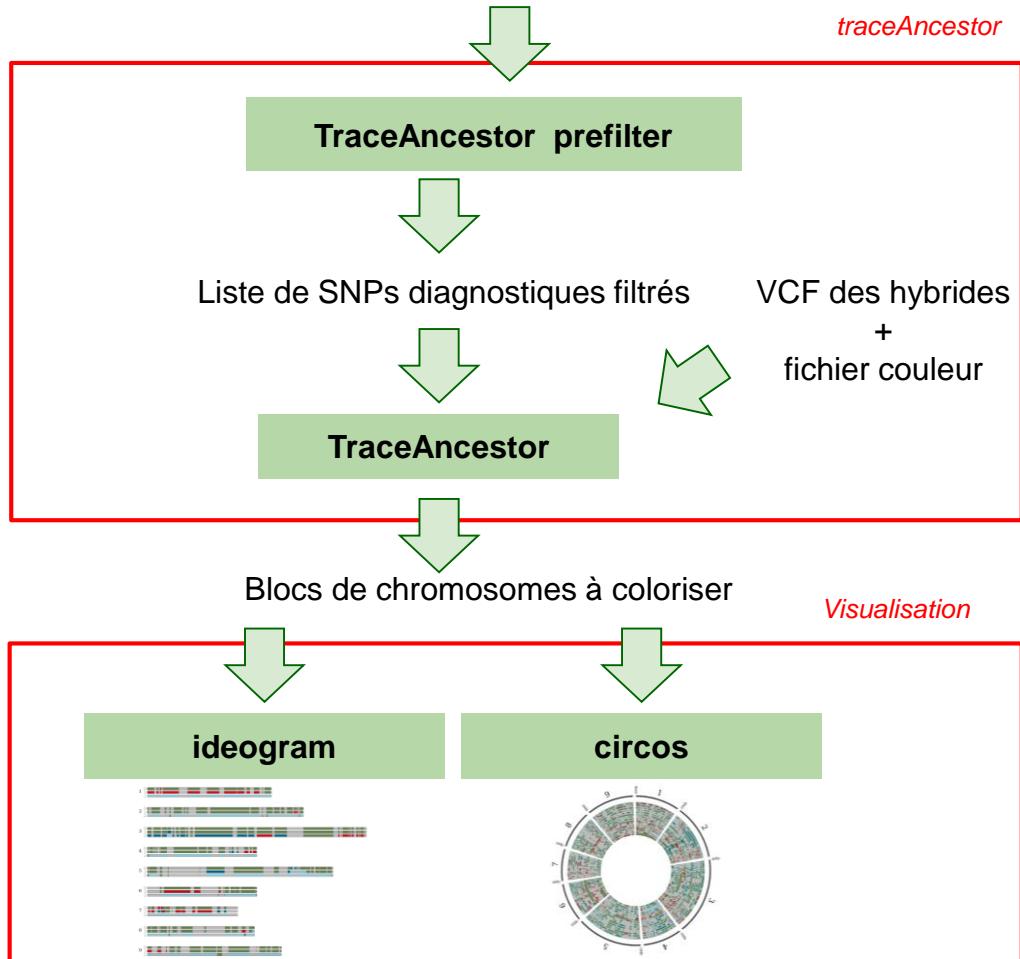
- Les parents/ancêtres sont déjà identifiés (pamplemousse, mandarinier, cédrat, micrantha)
- Méthode** : Pour un individu donné, mesurer fenêtre par fenêtre sur un chromosome la fréquence de présence de SNPs ancestraux.

2 outils dans galaxy :

-TraceAncestor prefilter

-TraceAncestor

Matrice contenant les indices de différenciation par SNP (GST) par ancêtre





#CHROM	POS	REF	ALT	%Nref	Indices de différenciation (GST) par ancêtre (chacun en comparaison aux 3 autres)				Fréquence de l'allele ALT			
					GSTA1	GSTA2	GSTA3	GSTA4	FA1	FA2	FA3	FA4
1	85524	A	G	0.3103448276	0.2	0.2	0.2	1	0	0	0	1
1	108710	A	T	0.6206896552	0.2	1	0.2	0.2	0	1	0	0
1	108741	T	A	0.2413793103	0.2	0.2	1	0.2	0	0	1	0
1	109226	A	T	0	0.2	0.2	0.2	1	0	0	0	1
1	109661	A	G	0.3448275862	0.2	0.2	1	0.2	0	0	1	0
1	110915	A	C	0.3448275862	1	0.2	0.2	0.2	0	1	1	1

- Tri en fonction des données manquantes (< 0.3 par défaut)
- Tri en fonction des valeurs de GST (> 0.9 par défaut). Si GST fort pour un ancêtre → la diversité allélique totale à cette position est majoritairement expliquée par cet ancêtre



#CHROM	POS	REF	ALT	%Nref	Indices de différenciation (GST) par ancêtre (chacun en comparaison aux 3 autres)				Fréquence de l'allele ALT			
					GSTA1	GSTA2	GSTA3	GSTA4	FA1	FA2	FA3	FA4
1	85524	A	G	0.3103448276	0.2	0.2	0.2	1	0	0	0	1
1	108710	A	T	0.6206896552	0.2	1	0.2	0.2	0	1	0	0
1	108741	T	A	0.2413793103	0.2	0.2	1	0.2	0	0	1	0
1	109226	A	T	0	0.2	0.2	0.2	1	0	0	0	1
1	109661	A	G	0.3448275862	0.2	0.2	1	0.2	0	0	1	0
1	110915	A	C	0.3448275862	1	0.2	0.2	0.2	0	1	1	1

-Définition de la valeur de l'allèle ancestral -> REF ou ALT?

- Si $F > 0.8 \rightarrow$ ALT
- Si $F < 0.2 \rightarrow$ REF

TraceAncestor prefilter

→ Sélection des marqueurs diagnostiques



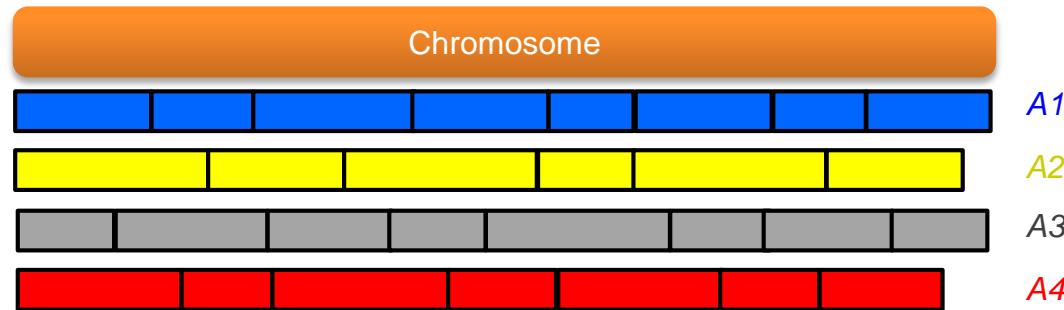
#CHROM	POS	REF	ALT	%Nref	GSTA1	GSTA2	GSTA3	GSTA4	FA1	FA2	FA3	FA4
1	85524	A	G	0.3103448276	0.2	0.2	0.2	1	0	0	0	1
1	108710	A	T	0.6206896552	0.2	1	0.2	0.2	0	1	0	0
1	108741	T	A	0.2413793103	0.2	0.2	1	0.2	0	0	1	0
1	109226	A	T	0	0.2	0.2	0.2	1	0	0	0	1
1	109661	A	G	0.3448275862	0.2	0.2	1	0.2	0	0	1	0
1	110915	A	C	0.3448275862	1	0.2	0.2	0.2	0	1	1	1

ancestor	chromosome	position	allele	
A3	1	108741	A	
A4	1	109226	T	

TraceAncestor

Etape 1

Découpage du chromosome en fenêtres non chevauchantes de 10 SNPs



TraceAncestor

Etape 2

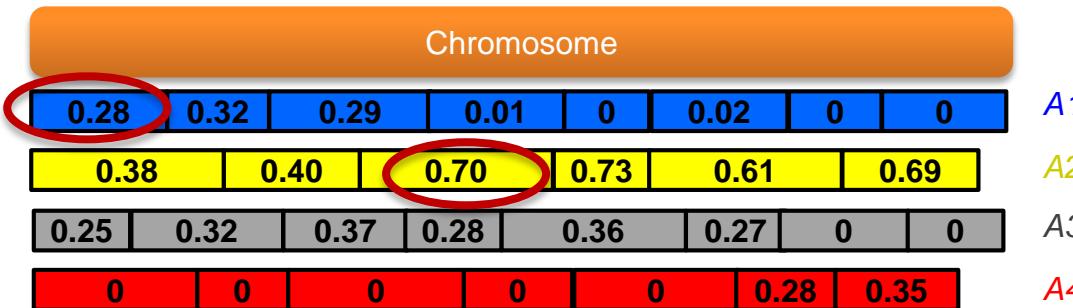
Calcul de la fréquence des reads ancestraux par ancêtre et par fenêtre de 10 SNPs.

Chromosome									
0.28	0.32	0.29	0.01	0	0.02	0	0		A1
0.38	0.40	0.70	0.73	0.61	0.69				A2
0.25	0.32	0.37	0.28	0.36	0.27	0	0		A3
0	0	0	0	0	0.28	0.35			A4

TraceAncestor

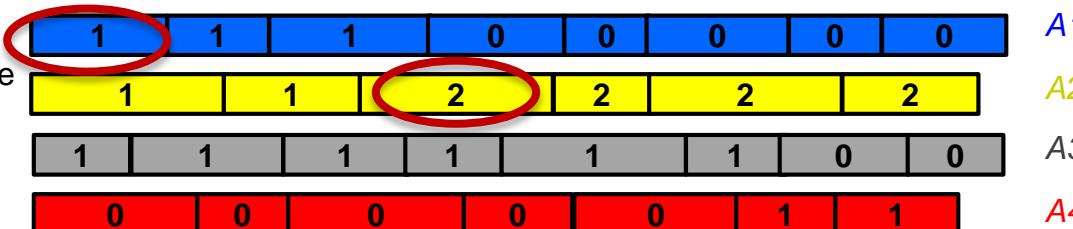
Etape 2

Calcul de la fréquence des reads ancestraux par ancêtre et par fenêtre de 10 SNPs.



Etape 3

Estimation du dosage allélique de chaque ancêtre par fenêtre de 10 SNPs



Test de vraisemblance (LOD) des différentes hypothèses 2 à 2, entre la fréquence observée et théorique pour triploïde

Diploid: 0.05 / 0.5 / 0.95

Triploid: 0.05 / 0.33 / 0.66 / 0.95

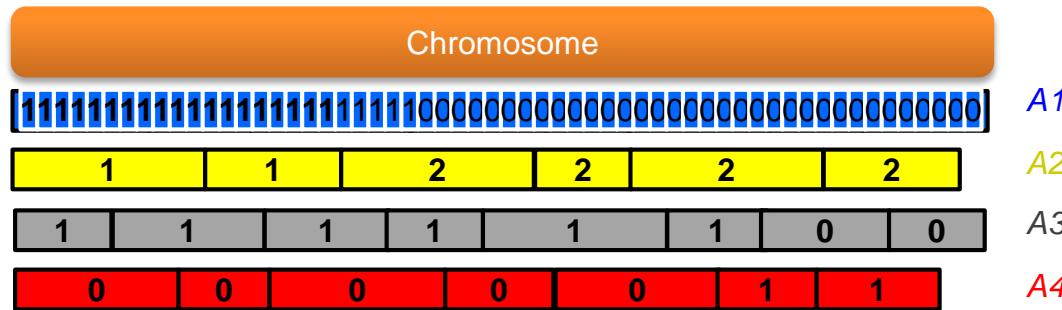
Tetraploid: 0.05 / 0.25 / 0.5 / 0.75 / 0.95

Si (-3 < LOD < 3) => indétermination

TraceAncestor

Etape 3

Estimation du dosage allélique de chaque ancêtre par fenêtre de 10SNP



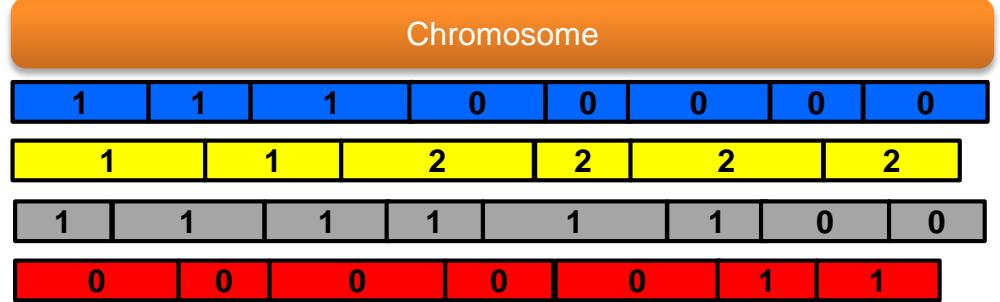
Etape 4

Division du chromosome en sous-fenêtres non chevauchantes de 100kb.
Le dosage allélique des fenêtres de 10 SNP est reporté dans les fenêtres de 100Kb

TraceAncestor

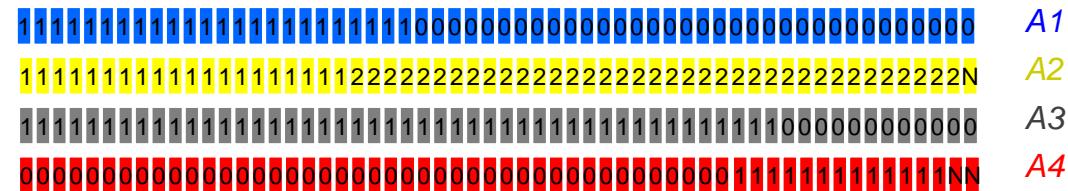
Etape 3

Estimation du dosage allélique de chaque ancêtre par fenêtre de 10SNP



Etape 4

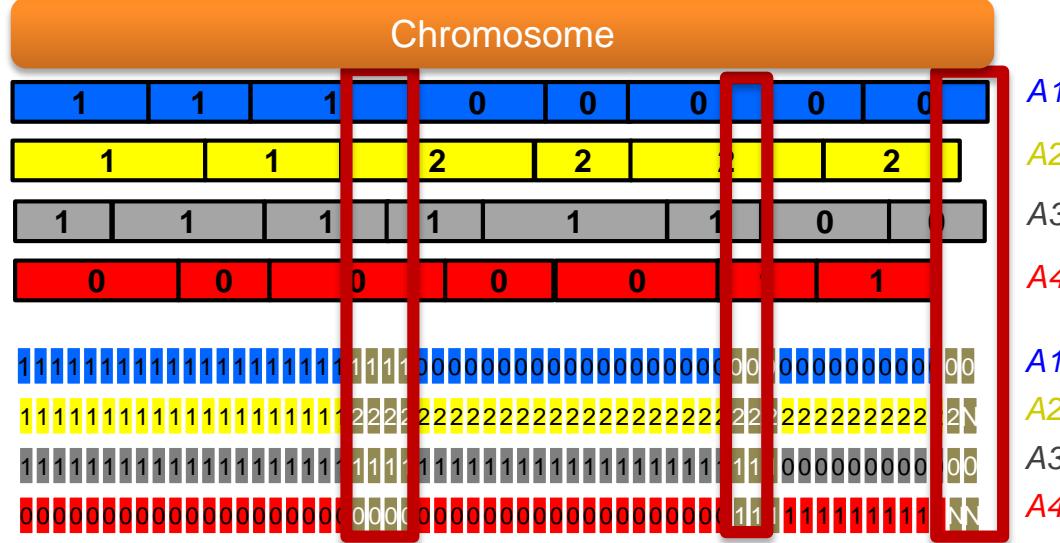
Division du chromosome en sous-fenêtres non chevauchantes de 100kb.
Le dosage allélique des fenêtres de 10SNP est reporté dans les fenêtres de 100Kb



TraceAncestor

Etape 3

Estimation du dosage allélique de chaque ancêtre par fenêtre de 10SNP



Etape 4

Division du chromosome en sous-fenêtres non chevauchantes de 100kb.
Le dosage allélique des fenêtres de 10SNP est reporté dans les fenêtres de 100Kb

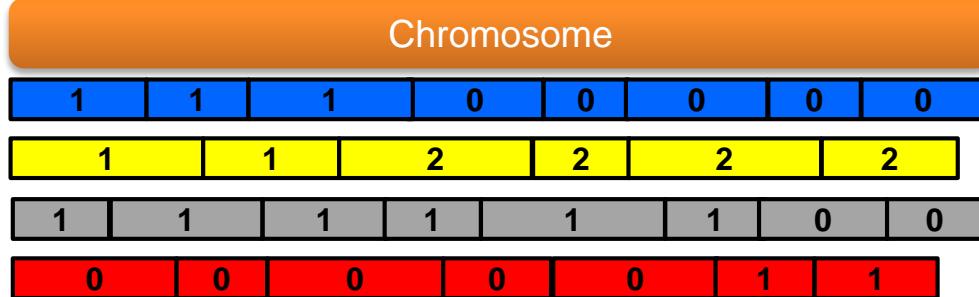
Si la somme du dosage allélique de tous les ancêtres pour une fenêtre est différente de la ploïdie:

→ indetermination

TraceAncestor

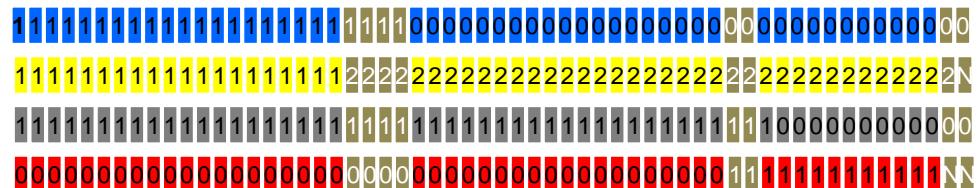
Etape 3

Estimation du dosage allélique de chaque ancêtre par fenêtre de 10SNP



Etape 4

Division du chromosome en sous-fenêtres non chevauchantes de 100kb. Le dosage allélique des fenêtres de 10 SNPs est reporté dans les fenêtres de 100Kb



Karyotype

Etape 5

Caryotypes non-phasés. Painting automatique.

Chromosomes homologues

A1
A2
A3
A4



UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

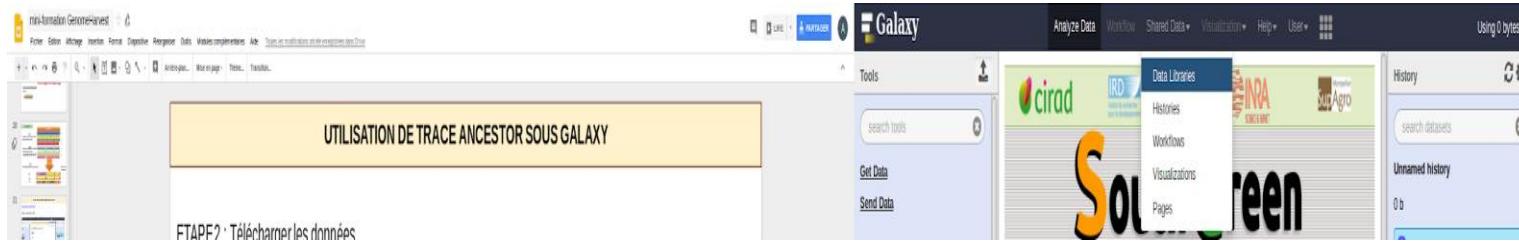
<http://galaxy.southgreen.fr/galaxy/>

ETAPE 1 : se connecter à galaxy

The screenshot shows the Galaxy web interface. On the left, there's a sidebar with 'Tools' (search tools, Get Data, Send Data), 'BASIC TOOLS' (Text Manipulation, Filter and Sort, grepEff tools, Join, Subtract and Group). The main area has a 'Login' form with 'Username / Email Address' (formation1@cirad.fr) and 'Password' (redacted). Below the password field is a link 'Forgot password? Reset here'. At the bottom of the form is a 'Login' button. Above the form, the 'User' menu is open, showing 'Login' and 'Register'. To the right, there's a 'History' panel titled 'Unnamed history' with a message: 'This history is empty. You can load your own data or get data from an external source'.

UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

ETAPE 2 : Charger les données tests de la librairie partagée “TraceAncestor” vers l'historique



DataLibrary → GenomeHarvest → trainings_painting → TraceAncestor

A screenshot of the Galaxy Data Libraries page. The URL in the address bar is 'Libraries / GenomeHarvest / trainings_painting / TraceAncestor'. The page shows a list of four items: 'CitrusGalaxyvcf' (vcf, 155.4 MB, updated 2018-06-29 04:19 AM), 'color' (txt, 44 bytes, updated 2018-06-29 03:20 AM), 'focus_tle' (txt, 270 bytes, updated 2018-06-29 03:20 AM), and 'MatriceDSNPs.csv' (pileup, 1.1 MB, updated 2018-06-29 03:20 AM). The 'TraceAncestor' library is highlighted with a yellow background. A red arrow points to the 'to History' button in the toolbar above the list. The toolbar also includes buttons for 'New', 'Import', 'Export', 'Download', 'Delete', and 'Details'.

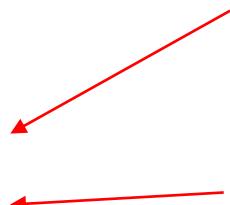
UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

The screenshot shows the Galaxy History interface with the following datasets listed:

- 8: MatriceDSNPs.csv** (highlighted in green)
- 7: focus_file**
- 6: color**
- 5: CitrusGalaxy.vcf**

Each dataset has a set of icons for viewing, editing, and deleting.

Matrice contenant les données GST



Fichier contenant des noms d'hybrides spécifiques sur lesquels on veut réaliser le painting

Association couleur - ancêtre

VCF des hybrides



UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

ETAPE 3 : Lancer TraceAncestor prefilter pour obtenir la matrice des marqueurs diagnostiques

TraceAncestor prefilter (Galaxy Version 0.1.0) ▾ Options

matrix table

8: MatriceDSNPs.csv

Missing data threshold

0.3

GST threshold

0.9

Execute

→ Output : *Ancestral markers matrix* (matrice contenant les marqueurs diagnostiques filtrés)

UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

ETAPE 4 : Lancer TraceAncestor pour obtenir les fichiers de blocs de chromosomes à coloriser

TraceAncestor (Galaxy Version 0.1.0) ▼ Options

matrix table -t
9: Ancestral markers matrix

vcf of hybrid population -v
5: CitrusGalaxy.vcf

ploidy -p
3

color file -c
6: color

number of markers by windows -w
10

LOD value -l
3

threshold for the calcul of LOD score -s
0.99

Windows size (in k-bases) -k
100

Which hybrids do you want to work on?
Several hybrids

focus file (several hybrids) -f
7: focus_file

Execute

- ← Nombre de marqueurs par fenêtres
- ← Valeur du LOD à partir de laquelle une hypothèse est acceptée
- ← Taux d'erreurs acceptée
- ← Taille des sous-fenêtres
- ← Choix du focus pour le painting:
 - Un individu
 - Plusieurs individus
 - Tous les individus

UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

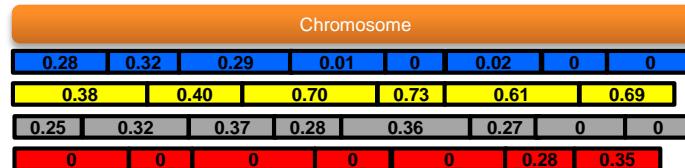
OUTPUTS



→ Différents outputs si on choisit de faire le focus sur un seul individu

Ancestors frequency along the chromosomes

Hybrid	Ancestry	Chromosome	Position_Start	Position_End	Frequence
Sample61	A1	1	1	1029641	0.3038



Circos Painting

1	1	1700000	#DF0101	Sample61
1	1700001	2200000	#B9B9B9	Sample61

Chromosomes length for circos

1	28919326
2	36354460

Ideogram Painting

1	0	1	1700000	#DF0101
1	0	1700001	2200000	#B9B9B9

Chromosomes length for ideogram

Sample61	305908623	012
Sample62	305908623	012

UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

ETAPE 5 : Visualisation

App web circos : <http://genomeharvest.southgreen.fr/visu/circosJS/demo/index.php>

Circos

CircosJS CircosJS Client to build interactive graphs in a circular layout (Galaxy Version 0.0.1)

Values for Chromosome Length



169: Chromosomes length for circos

track

1: track

Track name

stack

Track type

Stack

Track data

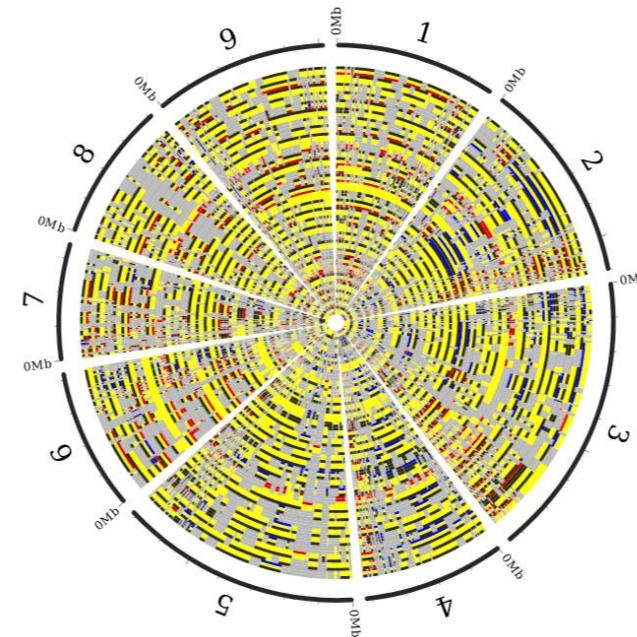


168: circos painting

+ Insert track

Track goes here

✓ Execute

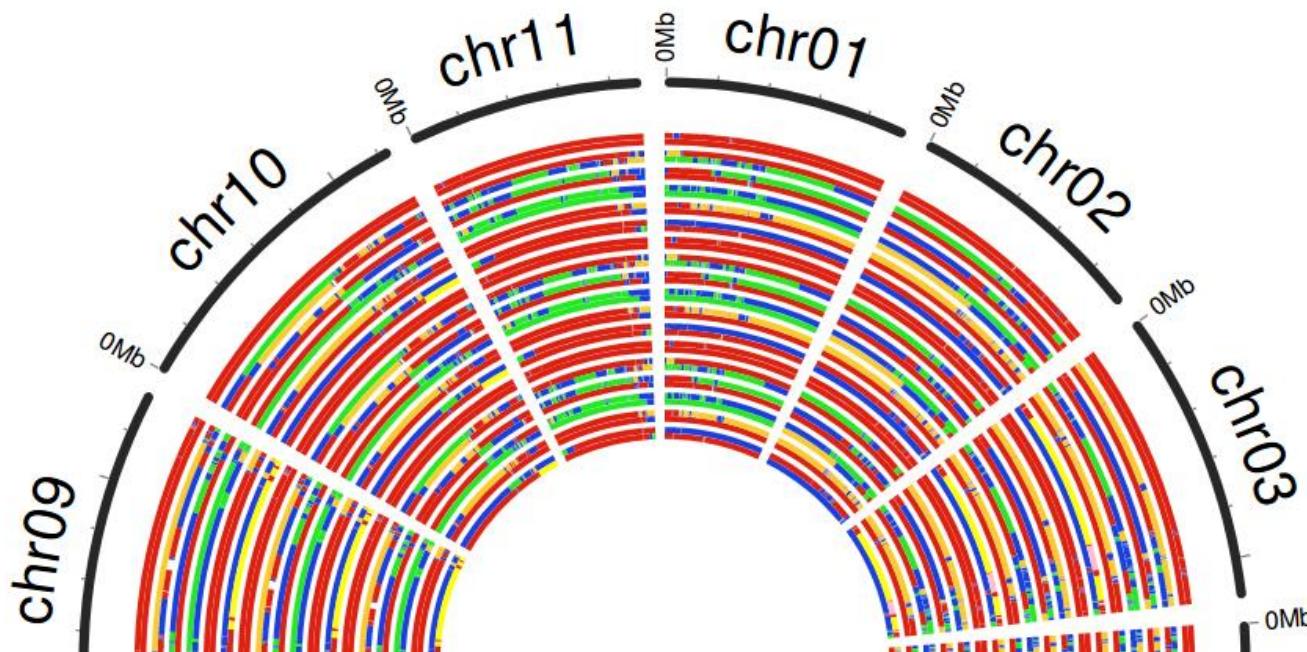


UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

Longueur des chromosomes

Chro - début - fin - couleur - individu

Télécharger en png



UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

ETAPE 5 : Visualisation

App web ideogram: <http://genomeharvest.southgreen.fr/visu/ideogram/newindex.php>

Ideogram

Ideogram Chromosome Painting (Galaxy Version 0.0.1)

Values for Chromosome Length

167: Chromosomes length for ideogram

chr length

Ancestral Blocks

166: Ideogram painting

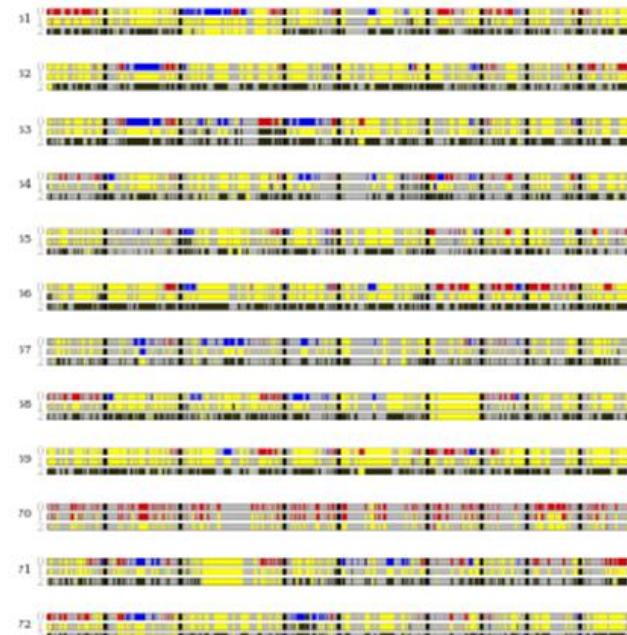
chr haplotype start end #color

Ploidy

3

ploidy

Execute

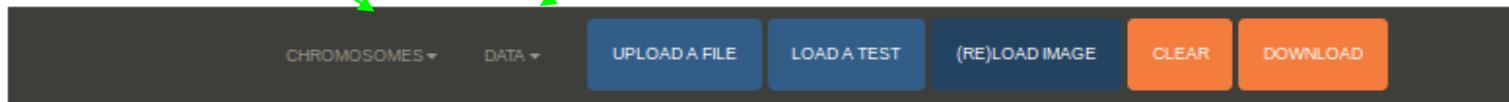


UTILISATION DE TRACE ANCESTOR SOUS GALAXY

Longueur des chromosomes

Chro - haplo - début - fin - couleur

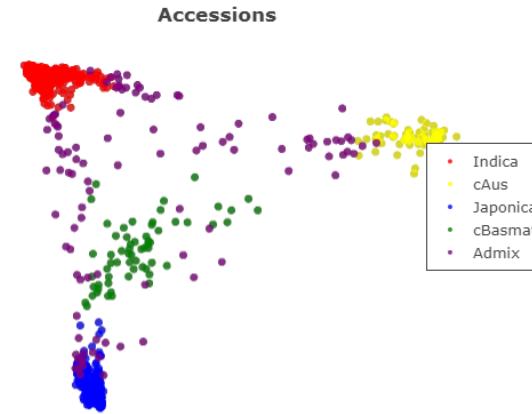
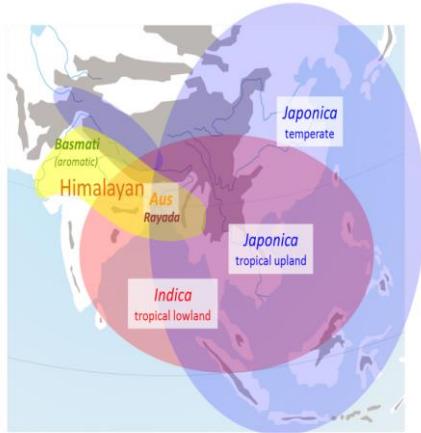
Télécharger en png



KDE_Classifier

JOAO SANTOS

- Etude de la structure mosaïque des riz aromatiques = hybrides entre variétés japonica / aus / autres
- Quelles régions du génome ont une origine aus, japonica, autres groupes ou outliers?



-**Méthode** : basée sur une estimation par noyaux (Kernel Density Estimation (KDE)) avec classe intermédiaire et classe outlier par fenêtre le long du génome

-Taux d'hétérozygotie très bas

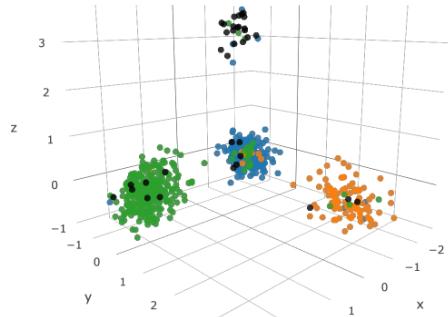
1) 3 entrées:

Fichier génotypage (VCF ou
geno+bim+fam)

Liste individus de référence

Liste des individus en admixture.

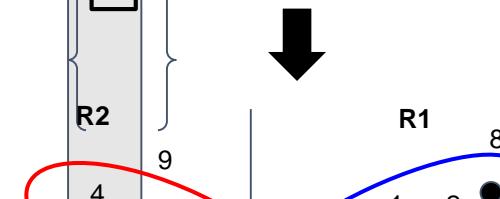
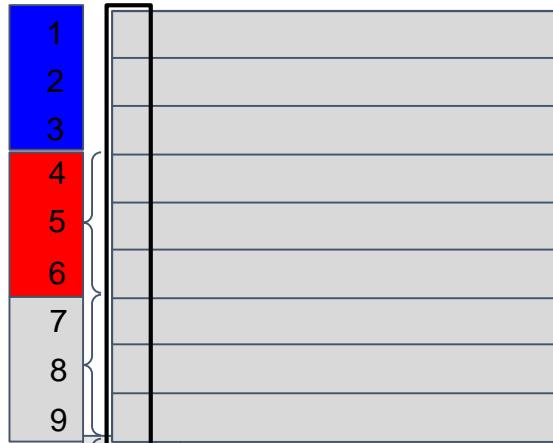
2) ACP par fenêtre le long du génomes.



R1

R2

Admix



R1

R2

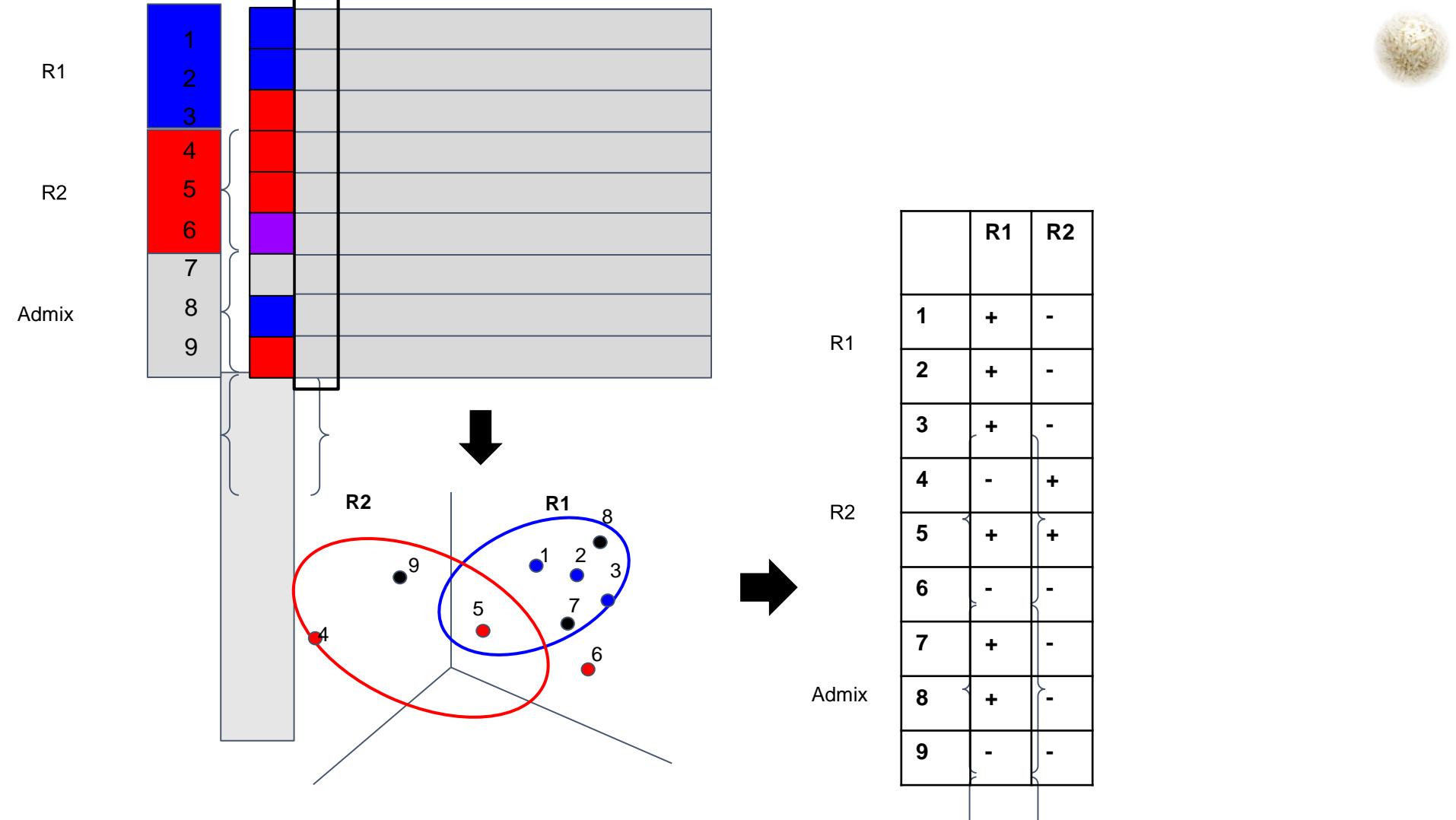
Admix

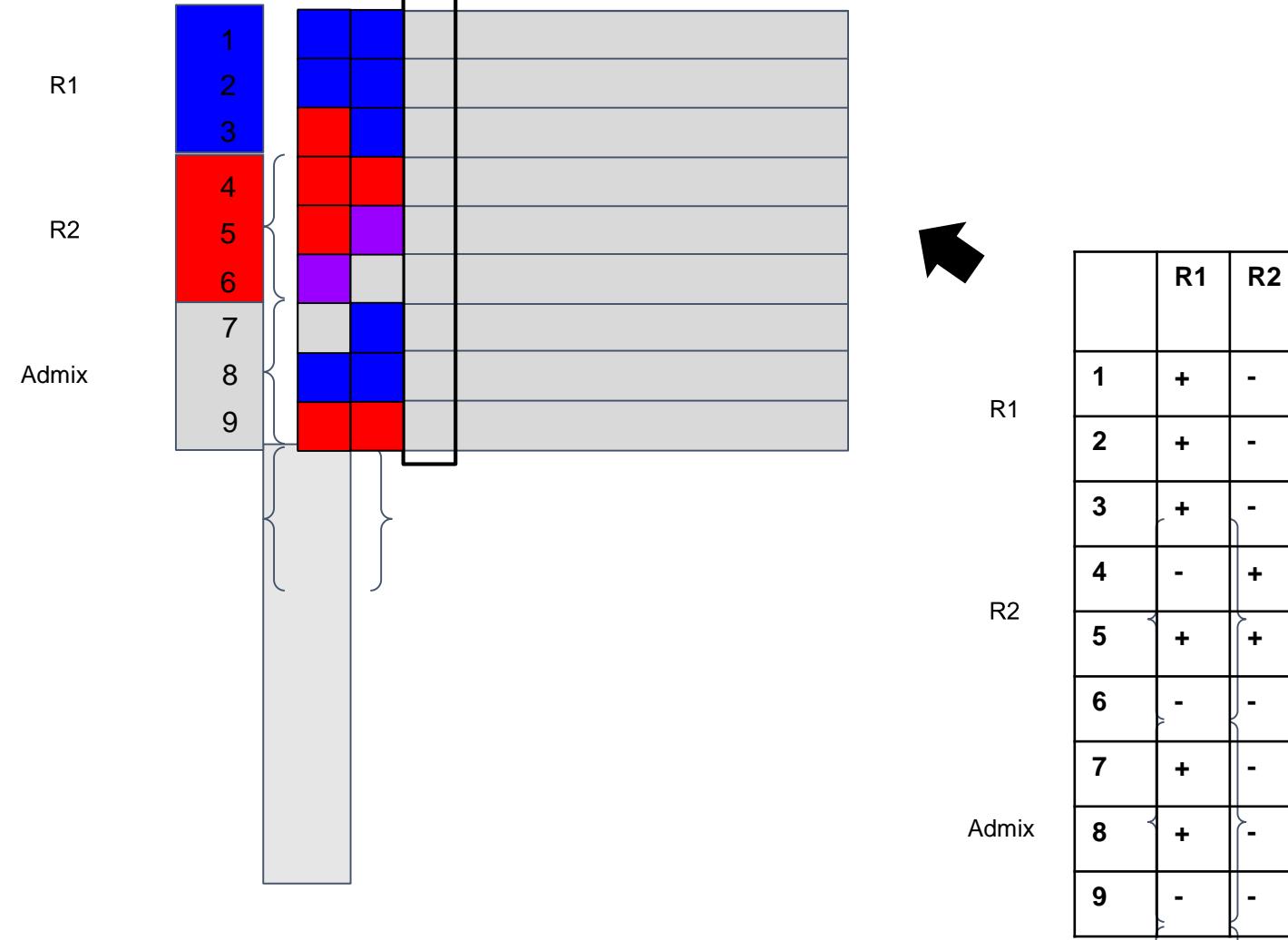
	R1	R2
1	+	-
2	+	-
3	-	+
4	-	+
5	-	+
6	+	+
7	-	-
8	+	-
9	-	+

3) Kernel Density Estimation => calcul de la probabilité de chaque haplotype d'appartenir à chaque distribution référence

4) Pour un individu on compare ces probabilités pour chaque référence deux à deux
Comparaison > seuil -> pur sinon intermédiaire

Differences global vs local

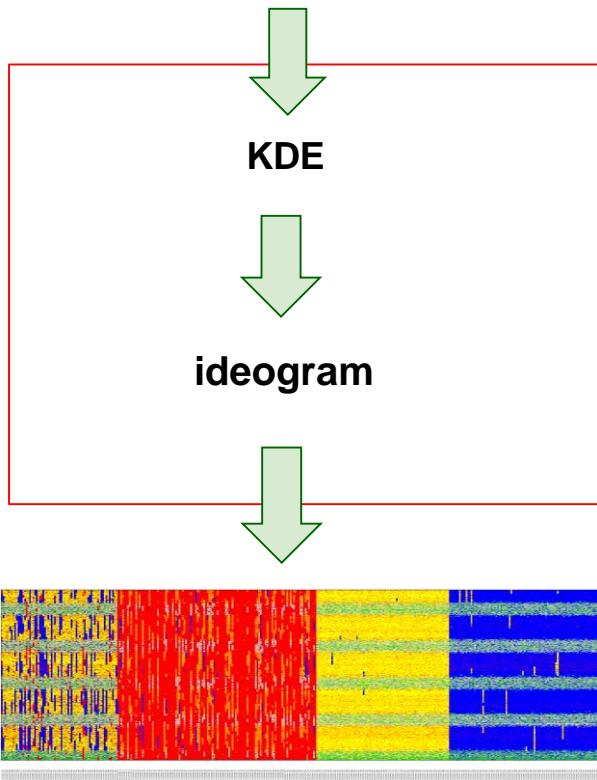




1 chromosome

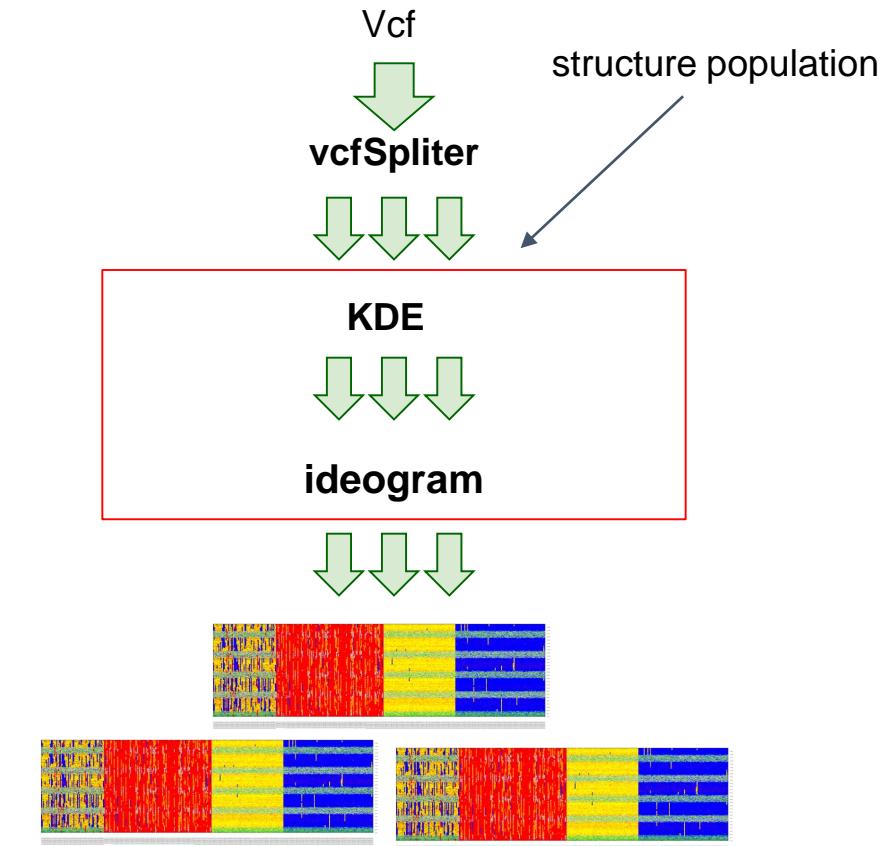
Parallélisation par blocs (multi-threading)

Vcf ou Geno + structure population



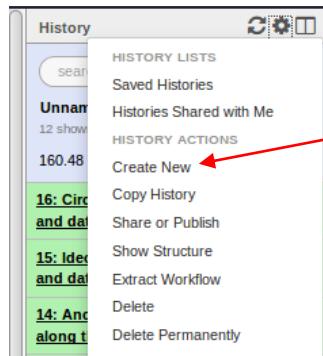
Plusieurs chromosomes

Parallélisation par blocs (multi-threading) + Parallélisation par chromosome (collection Galaxy)



UTILISATION DE KDE_CLASSIFIER SOUS GALAXY

ETAPE 1 : Créer un nouvel historique



ETAPE 2 : Charger les données tests de la librairie partagée “KDE_Classifier” vers l'historique

A screenshot of the Galaxy Data Libraries interface. The top navigation bar includes 'Galaxy', 'Analyze Data', 'Workflow', 'Shared Data', 'Visualization', 'Admin', 'Help', 'User', and a status bar 'Using 7%'. Below the navigation is a toolbar with buttons for 'DATA LIBRARIES', 'include deleted', and file operations like '+', '+ folder', 'to History' (highlighted with a red arrow), 'Download', 'Delete', and 'Details'. The URL bar shows 'Libraries / GenomeHarvest / trainings_painting / KDE_classifier'. The main content area displays a table of five items:

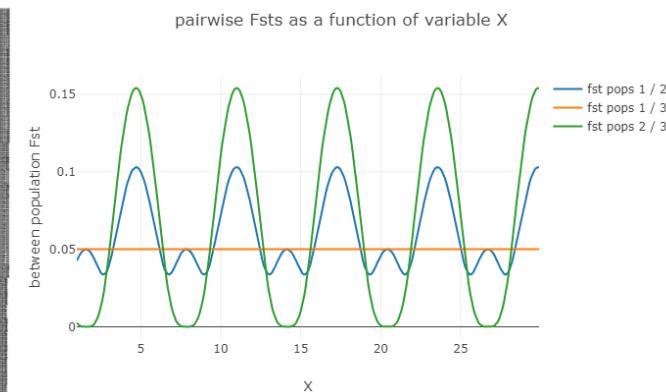
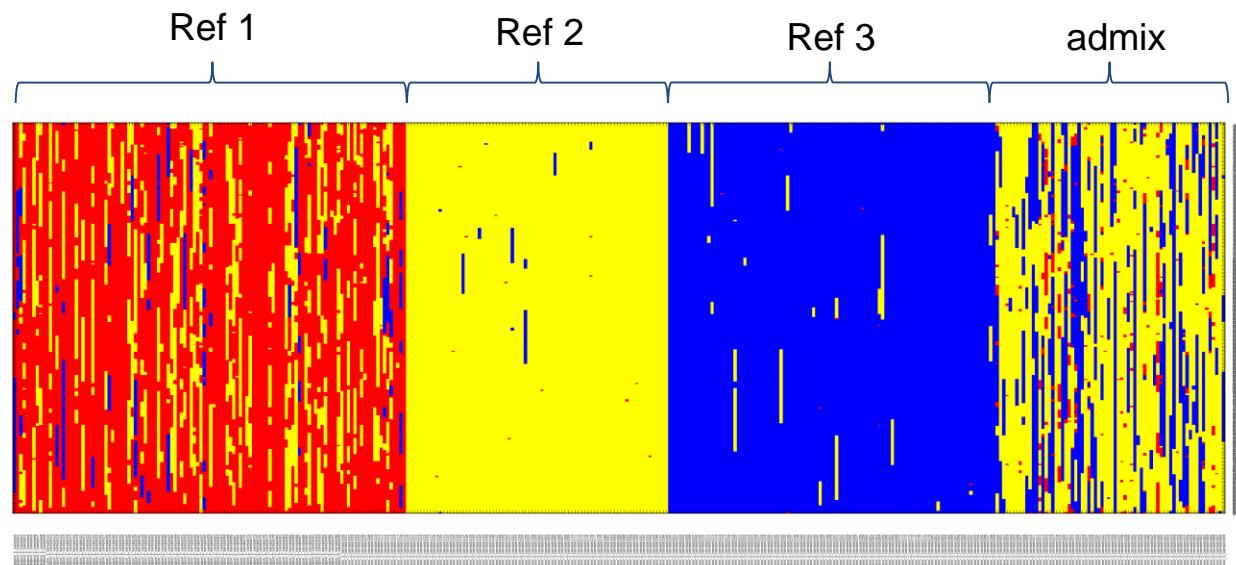
name	description	data type	size	time updated (UTC)
kde_test.fam		tabular	7.7 KB	2018-06-29 04:47 AM
kde_test.gen		mothur.map	30.8 MB	2018-06-29 04:56 AM
test_admix.txt		tabular	663 bytes	2018-06-30 02:47 PM
test_markers.bim		interval	1.5 MB	2018-06-29 04:47 AM
test_reference.txt		tabular	1.8 KB	2018-06-30 02:47 PM

Pagination at the bottom shows 'showing 5 of 5 items'.

UTILISATION DE KDE_CLASSIFIER SOUS GALAXY

Données simulées:

- 3 refs (dont une compliquée très admixée -> R1) + admix
- Variations de la distance génétique entre deux populations
- 2 distances proches = Intermédiaire



KDE (Galaxy Version 0.1.0)

choose your input format
geno/fam/bim

geno input file
2: kde_test.geno

fam input file
1: kde_test.fam
accession name file (same order as in geno)

bim input file
4: test_markers.bim

snp information

chromosome number --CHR
1

reference accessions indexes in geno file. --ref
12: test_reference.txt

admixed accession indexes in geno file. --admx
11: test_admix.txt

window size -w
150

Overlap between windows, in snp --overlap
75

Clustering method to extract reference specific clusters --clustmethod
MeanShift

heterozygosity filter --het
5e-2

Dimensionality reduction. --dr
PCA

Number of components kept in case of PCA reduction --ncomp
4

Outlier filter method. option --outmethod
None

Prints cluster Stats. --MSprint
no

Execute

Format du fichier de génotypage (geno ou VCF)

Fichiers de génotypage

Focus sur un chromosome en cas de chromosomes multiples

Fichiers de structure

Taille de la fenêtre pour l'ACP (en SNPs)

Taille des chevauchements de fenêtre (en SNPs)

Méthode de clustering

Fréquence d'allèles hétérozygotes acceptée par locus

Choix de la technique de réduction de dimensions (ACP, NMF) + paramètres correspondants

UTILISATION DE KDE_CLASSIFIER SOUS GALAXY

OUTPUTS

Blocks_request

CHR	In	Out	Ref	Sample_300
1	10000	10664	0	2.59e-13
1	10000	10664	1	0.56
1	10000	10664	2	0.65

→ Résultats de KDE

-Valeurs de dispersions par distribution : p-value pour chaque individu vis à vis de chacune des distributions références à chaque fenêtre analysée

-La comparaison puis le painting se font dans ideogram



One or several file to read

Individual File

reference file to read

17: Blocks_request

1 fichier ou 1 collection

Sortie de KDE

IDs of accessions to plot --focus

Nothing selected

Fichier de focus

chromosome to draw ideogram of. --CHR

1

Chromosome à visualiser

chromosome markers (if --CHR is filled)

smoothing

no

outlier threshold --outlier

1e-3

Intermediate classification threshold --threshold

5

height of ideograms --chrom_height

1

gap between ideograms --chrom_gap

0

figure height in inches --height

35

figure width in inches --width

10

xticks on final ideogram --xticks

10000

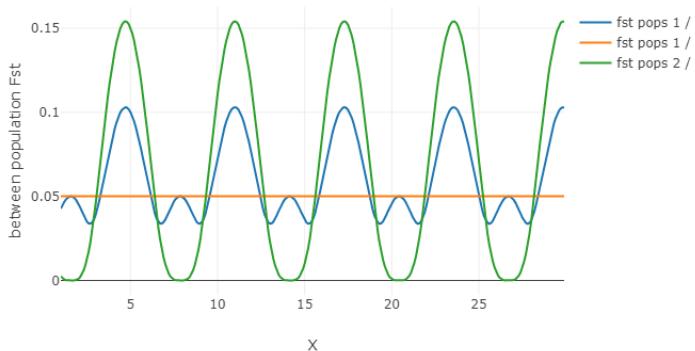
Execute

Seuil pour déterminer si un individu est outlier pour une fenêtre

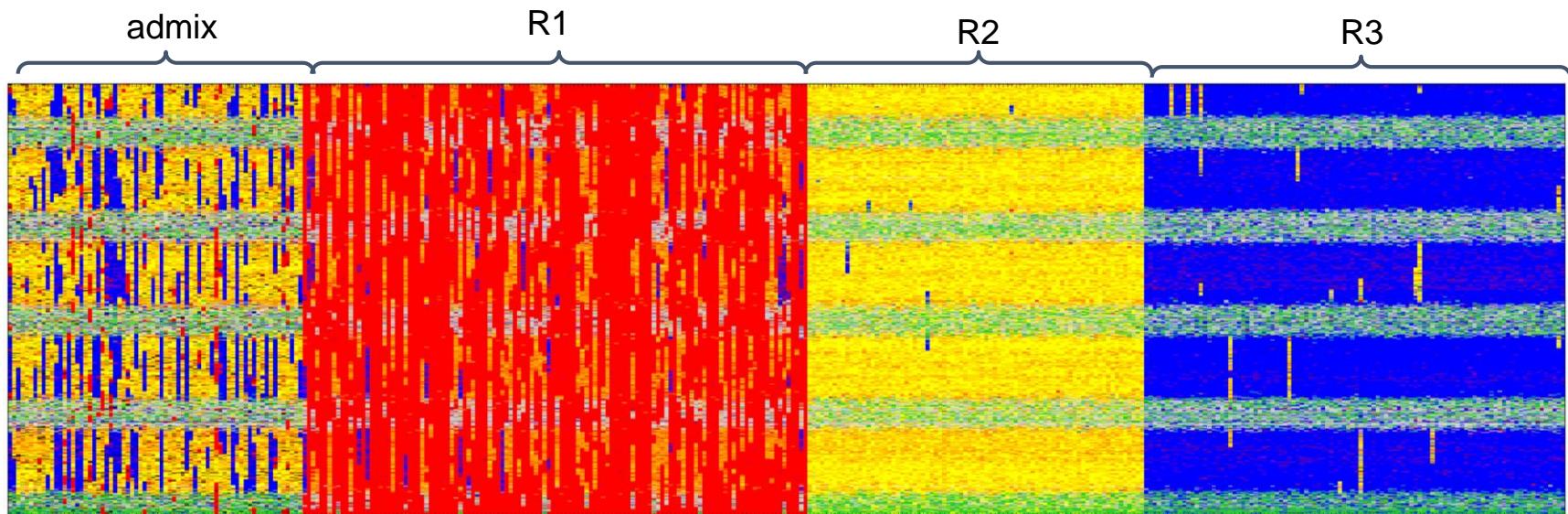
Seuil pour déterminer si un individu est intermédiaire ou pur pour une fenêtre

Paramètres de dessin

pairwise Fsts as a function of variable X



→ Variation de la distance génétique des populations simulées le long du chromosome artificiel

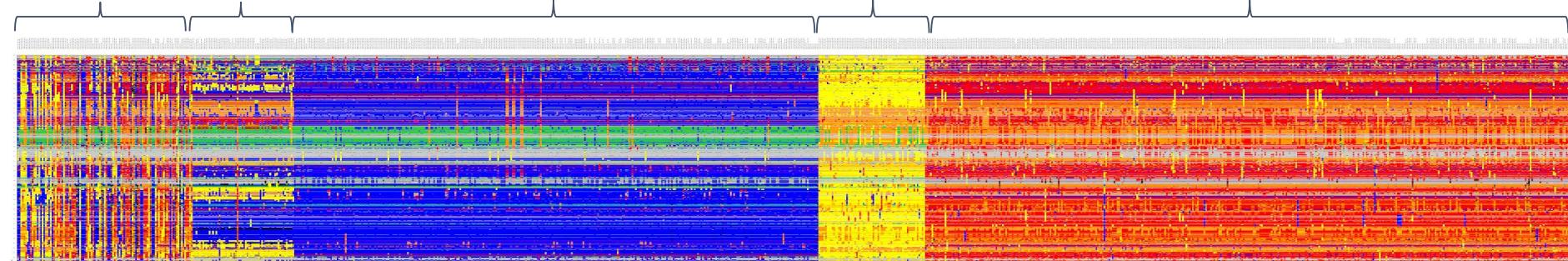


Admix Aromatiques

Japonica

Aus

Indica





- Étudier la structure mosaïque du génome
- Approche exploratoire
- Développé pour travailler sur un jeu de données banane

Contraintes : Hybrides hétérozygotes et difficulté à phaser.
Peu de représentants ancestraux actuels (calcul de gst difficile).

Méthode : Approche par analyses multivariées (ACP) puis clusterisation (attribution des allèles à des groupes ancestraux)

3 outils dans galaxy:

-VCF Filter : Filtre un vcf en fonction de différents paramètres

-VCF Analysis (vcf2struct): Analyses multiples sur un vcf (statistiques, ...)

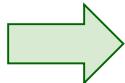
-Chromosome Painting (vcf2linear)

GENOME HARVEST
[parental SNP - Detect parental SNP of hybrids](#)
[Trace Ancestor](#)
[vcfHunter](#)
[VCF Filter](#)
[VCF analysis \(vcf2struct\)](#)
[Chromosome Painting \(vcf2linear\)](#)
[KDE Classifier](#)
[Visualization](#)



1) *VCFHunter FILTER*

VCF Filter



VCF Analysis (STAT)

Filtrage du VCF et analyse statistique générale des variations génétiques

VCF Analysis (FACTORIAL)

2) *ACP*

ACP : Projection des allèles (variables) et des individus

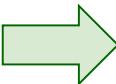
VCF Analysis (SNP_CLUST-MeanShift)

VCF Analysis (ViSUALIZE_VAR_2D)

Clusterisation des allèles en fonction de leur position sur les axes
→ assignation des allèles à des groupes ancestraux

4) *VCFHunter PAINTING*

Chromosome Painting



Circos

Reconstruction de la structure mosaïque Painting et visualisation

UTILISATION DE VCFHUNTER SOUS GALAXY

<http://cc2-web1.cirad.fr/galaxydev/>

ETAPE 1 : Créer un nouvel historique

ETAPE 2 : Charger les données de la library vcfHunter dans le nouvel historique

DATA LIBRARIES « 0 1 2 » showing 6 of 6 items include deleted [+ folder](#) [+ file](#) [to History](#) [Download](#) [Delete](#) [Details](#) [Help](#)

Libraries / vcfHunter

<input type="checkbox"/> name ↴	description	data type	size	time updated (UTC)	
...					
<input type="checkbox"/> All Names		tabular	441 bytes	2018-06-27 12:59 PM	View Edit
<input type="checkbox"/> ancestor.gp		tabular	351 bytes	2018-06-27 01:01 PM	View Edit
<input type="checkbox"/> AncestryInfo.tab		txt	605 bytes	2018-06-27 01:00 PM	View Edit
<input type="checkbox"/> DNA RNAseq_RefSeq_all_allele_count.vcf		vcf	94.0 MB	2018-06-27 12:59 PM	View Edit
<input type="checkbox"/> DNAseqFinalName.tab		txt	262 bytes	2018-06-27 01:01 PM	View Edit
<input type="checkbox"/> DNAseq_names.tab		txt	352 bytes	2018-06-27 01:00 PM	View Edit

« 0 1 2 » showing 6 of 6 items

UTILISATION DE VCFHUNTER SOUS GALAXY

ETAPE 3 : Utiliser un workflow

Screenshot of the Galaxy web interface showing the "Published Workflows" page.

The "Shared Data" menu is open, showing options: Histories, Workflows, Visualizations, and Pages. A red arrow points from the "Import" option in the dropdown menu to the "Run it" button in the second screenshot below.

Name	Annotation	Owner	Community Rating	Community Tags	Last Updated
VCFHunter CLUSTERING		comte	★★★★★		~5 hours ago
VCFHunter PAINTING		comte	★★★★★		~5 hours ago
VCFHunter FILTER		comte	★★★★★		~5 hours ago

Screenshot of the Galaxy web interface showing the "Your workflows" page.

A red arrow points from the "Imported: VCFHunter FILTER" dropdown in the first screenshot to the "Run it" button in this screenshot.

Buttons at the top right: Create new workflow (green icon) and Upload or import workflow (blue icon).

Name	# of Steps
imported: VCFHunter FILTER	2

1)VCFHunter FILTER

INPUTS:



Step 1: VCF Filter (version 0.1.0)

VCF file --vcf

3: filtered Vcf

names file

1: All Names

outgroup (optional) --outgroup

Selection is Optional

Minimal coverage by accession --MinCov

10

Maximal coverage to keep a genotype --MaxCov

1000

Minimal frequency to keep a genotype --MinFreq

0.05

Minimal allele coverage by accession --MinAl

3

Maximal number of missing genotype --nMiss

Not available.

Number of alleles to remove the site (optional) --RmAlAlt

Not available.

Variant status to filter out (Optional) --RmType

Nothing selected.

-VCF file

#CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	INFO	FORMAT	sample68	sample69
RefSeq	281	.	C	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:31,2,0:33	0/0:19,0,1:20
RefSeq	282	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20
RefSeq	283	.	T	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:33,1,0:34	0/0:19,1,0:20
RefSeq	284	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20

-Names files = un fichier contenant les accessions à filtrer

-Outgroup = un fichier contenant les accessions à ne pas filtrer mais à garder dans le vcf de sortie.

1)VCFHunter FILTER



Step 1: VCF Filter (version 0.1.0)

VCF file --vcf

3: filtered Vcf

names file

1: All Names

outgroup (optional) --outgroup

Selection is Optional

Minimal coverage by accession --MinCov

10

Maximal coverage to keep a genotype --MaxCov

1000

Minimal frequency to keep a genotype --MinFreq

0.05

Minimal allele coverage by accession --MinAl

3

Maximal number of missing genotype --nMiss

Not available.

Number of alleles to remove the site (optional) --RmAlAlt

Not available.

Variant status to filter out (Optional) --RmType

Nothing selected.

#CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	INFO	FORMAT	sample68	sample69
RefSeq	281	.	C	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:31,2,0:33	0/0:19,0,1:20
RefSeq	282	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20
RefSeq	283	.	T	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:33,1,0:34	0/0:19,1,0:20
RefSeq	284	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20



On filtre les données :

Site coverage \geq 10

Site coverage \leq 1000

1)VCFHunter FILTER



Step 1: VCF Filter (version 0.1.0)

VCF file --vcf

3: filtered Vcf

names file

1: All Names

outgroup (optional) --outgroup

Selection is Optional

Minimal coverage by accession --MinCov

10

Maximal coverage to keep a genotype --MaxCov

1000

Minimal frequency to keep a genotype --MinFreq

0.05

Minimal allele coverage by accession --MinAl

3

Maximal number of missing genotype --nMiss

Not available.

Number of alleles to remove the site (optional) --RmAlAlt

Not available.

Variant status to filter out (Optional) --RmType

Nothing selected.

#CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	INFO	FORMAT	sample68	sample69
RefSeq	281	.	C	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:31,2,0:33	0/0:19,0,1:20
RefSeq	282	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20
RefSeq	283	.	T	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:33,1,0:34	0/0:19,1,0:20
RefSeq	284	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20



On filtre les données:

Minor allele frequency (absolute ≥ 3 and relative ≥ 0.05)

1)VCFHunter FILTER



Step 1: VCF Filter (version 0.1.0)

VCF file --vcf

names file

outgroup (optional) --outgroup

Minimal coverage by accession --MinCov

10

Maximal coverage to keep a genotype --MaxCov

1000

Minimal frequency to keep a genotype --MinFreq

0.05

Minimal allele coverage by accession --MinAl

3

Maximal number of missing genotype --nMiss

Not available.

Number of alleles to remove the site (optional) --RmAlt

Not available.

Variant status to filter out (Optional) --RmType

Nothing selected.

#CHROM	POS	ID	REF	ALT	QUAL	FILTER	INFO	FORMAT	sample68	sample69
RefSeq	281	.	C	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:31,2,0:33	0/0:19,0,1:20
RefSeq	282	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20
RefSeq	283	.	T	A,G	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:33,1,0:34	0/0:19,1,0:20
RefSeq	284	.	A	C,T	.	.	.	GT:AD:DP	0/0:34,0,0:34	0/0:20,0,0:20

← Nombre maximal de génotypes manquants sur une ligne

← On peut retirer les sites mono - di - tri ou tetra ... allélique

← Enlever des lignes selon des tags de GATK (PASS, LowQual, SnpCluster...)

**Step 2: VCF analysis (vcf2struct) (version 0.1.0)****Analysis type --type**

STAT

VCF file --vcf

Output dataset 'filter' from step 1

names file --names

1: All Names



Nom des accessions sur lesquelles réaliser les statistiques

gff3 file (optional) --gff3

Selection is Optional

General.stat: statistiques globales sur le VCF filtréAccession.stat: Statistiques par accessions (données manquantes, allèles spécifiques, nombre de sites homozygotes et hétérozygotes).→ *en fonction de ce qui est obtenu, l'utilisateur peut choisir de filtrer les données à nouveau.*

2) FACTORIAL (ACP)



VCF analysis (vcf2struct) (Galaxy Version 0.1.0) ▼ Options

Analysis type --type
FACTORIAL

VCF file --vcf
1: filtered Vcf

names file --names
40: DNaseqFinalName.tab
A one column file containing accession names to treat

Axis number to keep for the factorial analysis --nAxes
6

Multivariate analysis type --mulType
coa

group file --group
4: AncestryInfo.tab
A file containing two sections: A section[group] with in col 1 accession name ; col 2 group (UN for unknown group). All group should be in capital letters. A section [color], that define for each group a color for pca drawing (in RGB+alpha percentage, ex: red=1:green=0:blue=0:alpha=0.1)

groups to delete --dGroup
Nothing selected
If passed, all alleles belonging to groups passed to this option will be removed.

Matrix of grouped alleles (with either a GROUP or a K-mean_GROUP column) --mat
Nothing selected
If a K-mean_GROUP column is found, the filter will be performed on this column, else it will be performed on the GROUP one.

Execute

Vcf filtré

Nom des accessions sur lesquelles travailler (accessions ancestrales choisies à partir d'une ACP préliminaire p/e)

Nombre d'axes pour la représentation

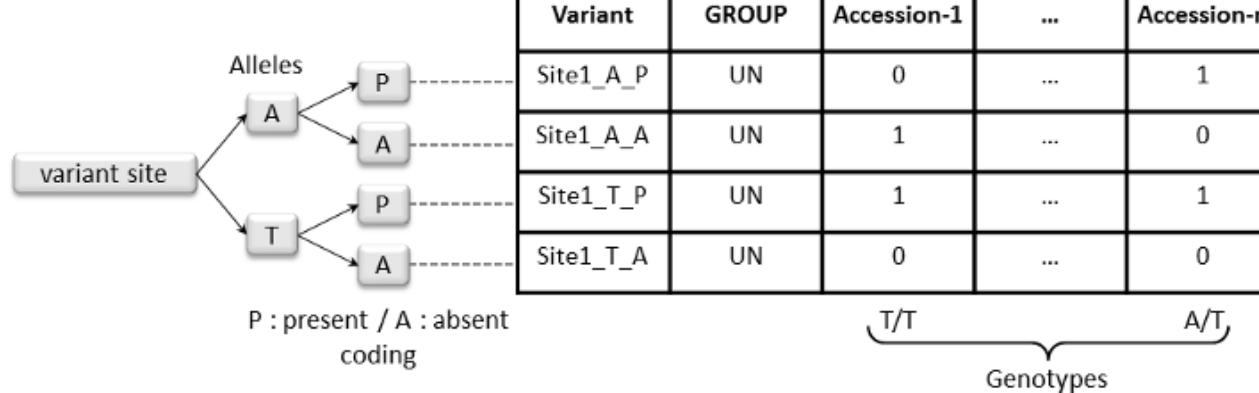
Fichier de structure : Groupes / Couleurs (ne change pas le résultats de l'ACP)

2) FACTORIAL (ACP)



-Le VCF est transformé en une matrice présence(P)/absence(A), avec un allèle par ligne codé en 0,1

} matrix4PCA



→ On réalise alors une ACP sur cette matrice transposée.

2) FACTORIAL (ACP)



OUTPUTS

projection of accessions and alleles

→ Projection des individus et des allèles sur chaque couple d'axes (ex : 1vs2, 1vs3)

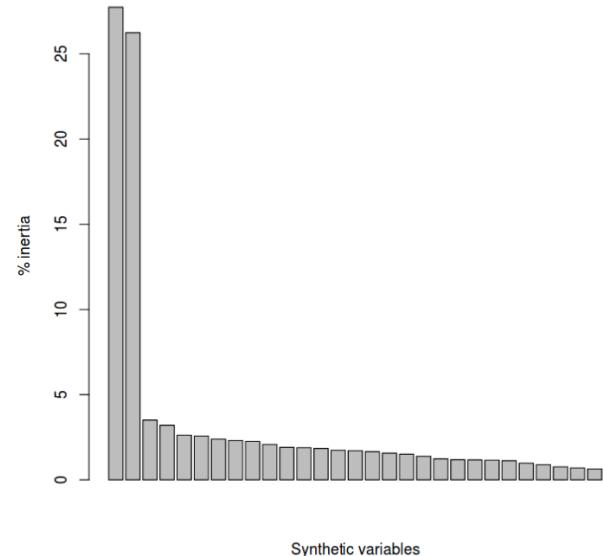
Allele coordinates

+

Individual coordinates

Axis inertia

→ calcul du pourcentage d'inertie pour chaque axe
→ choix des axes à conserver pour l'analyse de clustering
 → ici 1 et 2 explique la plupart de l'inertie



3) VCFHunter CLUSTERING



-On considère que la structure ancestrale = structure représentée par les axes de l'ACP

→ Les allèles aux extrémités des nuages de points sont les allèles ancestraux

-On cherche alors à les clusteriser.

→ 2 approches implémentées (MeanShift / Kmean). Ici on va utiliser l'approche MeanShift qui permet une détection automatique du nombre de groupes.

-Une fois la clusterisation réalisée, on visualise les groupes. Si un groupe est sous ou sur-représenté, il peut-être intéressant de refaire la clusterisation avec d'autres paramètres jusqu'à obtenir un nombre cohérent de groupes vraiment représentatifs de la structure ancestrale de l'espèce.

The screenshot shows the Galaxy web interface with the following details:

- Header:** Galaxy, Analyze Data, Workflow, Shared Data, Visualization, Admin, Help, User, Using 43.5 GB
- Shared Data dropdown menu:** Access published resources, Histories, Workflows, Visualizations, Pages
- Published Workflows section:** search name, annotation, owner, and tags, Advanced Search
- Workflow list:**

Name	Annotation	Owner	Community Rating	Community Tags	Last Updated
VCFHunter CLUSTERING	Import Save as File	comte	★★★★★		~5 hours ago
VCFHunte		comte	★★★★★		~5 hours ago
VCFHunter FILTER		comte	★★★★★		~5 hours ago

3) VCFHunter CLUSTERING



Step 1: VCF analysis (vcf2struct) (version 0.1.0)

Analysis type --type

SNP_CLUST-MeanShift

Allele coordinates --VarCoord

46: allele coordinates ▾

← Coordonnées des allèles issues de l'ACP

Axes to use in mean shift clustering. Axis should be separated by ':' --dAxes

1:2

The quantile value to estimate de bandwidth parameters used in the MeanShift --quantile

0.15 ▾

The recoded vcf file --mat

45: matrix4PCA (recoded vcf) ▾

← Matrice recodée

Cluster all point in the MeanShift --MeanShiftAll

y

Exploratoire. A faire varier pour obtenir la clusterisation optimale (dépend du jeu de données)

Bandwidth value used for mean shift --Bandwidth

Not available.

←

Cluster absent (A) and present (P) lines --AP

y

3) VCFHunter CLUSTERING



OUTPUTS

kMean allele grouping : même type de recodage de vcf que matrix4PCA mais avec une colonne K-mean_GROUP correspondant au groupe assigné à l'allèle après clusterisation.

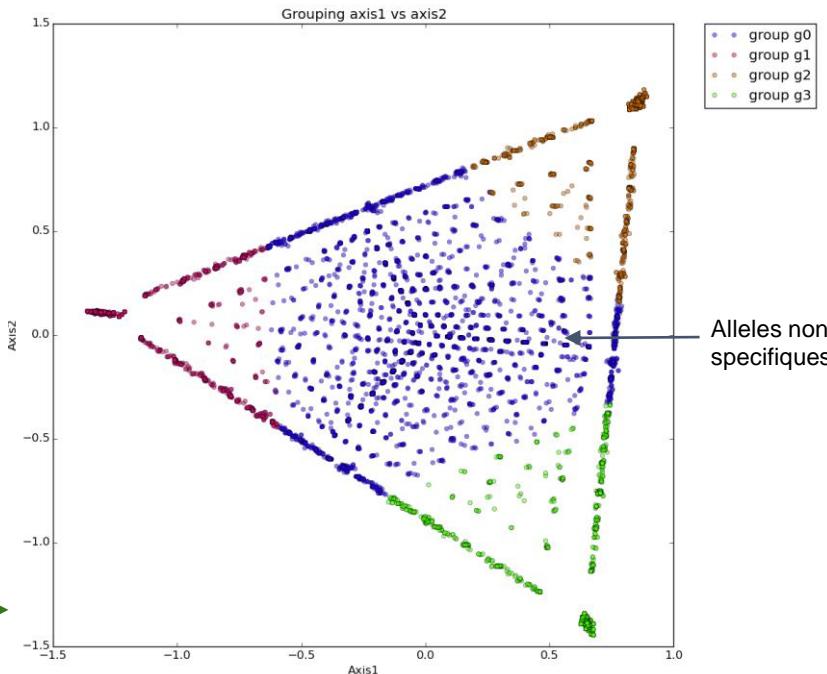
kMean allele gp prop: “probabilité” de chaque allèle d’être dans chaque groupe

Centroids group attribution: association groupe -centroïdes

Coordinates of centroid: coordonnées des centroïdes de chaque groupe

Color File: Couleur des groupes issus de la clusterisation

Visu2D: visualisation des groupes



4) VCFHunter PAINTING



Screenshot of the Galaxy web interface showing the "Published Workflows" page. The "Shared Data" menu is open, displaying options: Histories, Workflows, Visualizations, and Pages. The "Workflows" option is highlighted. A red arrow points from the "Import" button in the "VCFHunter PAINTING" workflow row towards the "Workflows" menu item.

Name	Annotation	Owner	Community Rating	Community Tags	Last Updated
VCFHunter CLUSTERING		comte	★★★★★		~5 hours ago
VCFHunter PAINTING		comte	★★★★★		~5 hours ago
VCFHunter	Import Save as File	comte	★★★★★		~5 hours ago

→ Ce programme réalise le painting des accessions le long des chromosomes en fonction des groupes ancestraux.

-Pour un individu, on compte par fenêtre le nombre d'allèles par groupe ancestral

-Comparaison de cette valeur avec une valeur attendue (estimée sur la base des quelques individus représentatifs des groupes ancestraux)

→ calcul du dosage par fenêtre pour cet ancêtre.

4) VCFHunter PAINTING



Running workflow "VCFHunter PAINTING"

Step 1: Chromosome Painting (vcf2linear) (version 0.1.0)

VCF file --vcf
590: filtered Vcf

Matrix file containing allele grouping --mat
586: kMean allele grouping

A one column file containing accession names to treat --names
588: DNAseq_names.tab

A two column file containing accession names used to simulate populations --namesH
589: ancestor.gp

use a reference genome --FormerFolder
no

Chromosomes names to work with --chr
Not available.

Allele number around a variant site to evaluate the structure at the site --win
25

Ploidy level --ploidy
2

Type of estimation performed --type
Binom

Estimator different from sd calculated as mean_value --prop.
0

group color --gcol
587: Color file

A 2 column file containing accession names used to simulate populations and their group --Ambiguous
Selection is Optional

Multiplicator of standard deviation for probability calculation of a segment to be of a group --sdMult
1

Vcf Filtré

Matrice recodée

Noms d'accessions à étudier

Noms d'accessions pures par groupe servant à simuler une population puis calculer les valeurs attendues

Taille des fenêtre s / 2

Binom plus rapide que Simul

d = 0.5

sample40

sample20

sample49

4) VCFHunter PAINTING

OUTPUTS

Pour chaque individu:

Chromosome Density

Pour les 3 ancêtres:

- Rose: 1 dose
- Vert: 2 doses
- Noir: observé

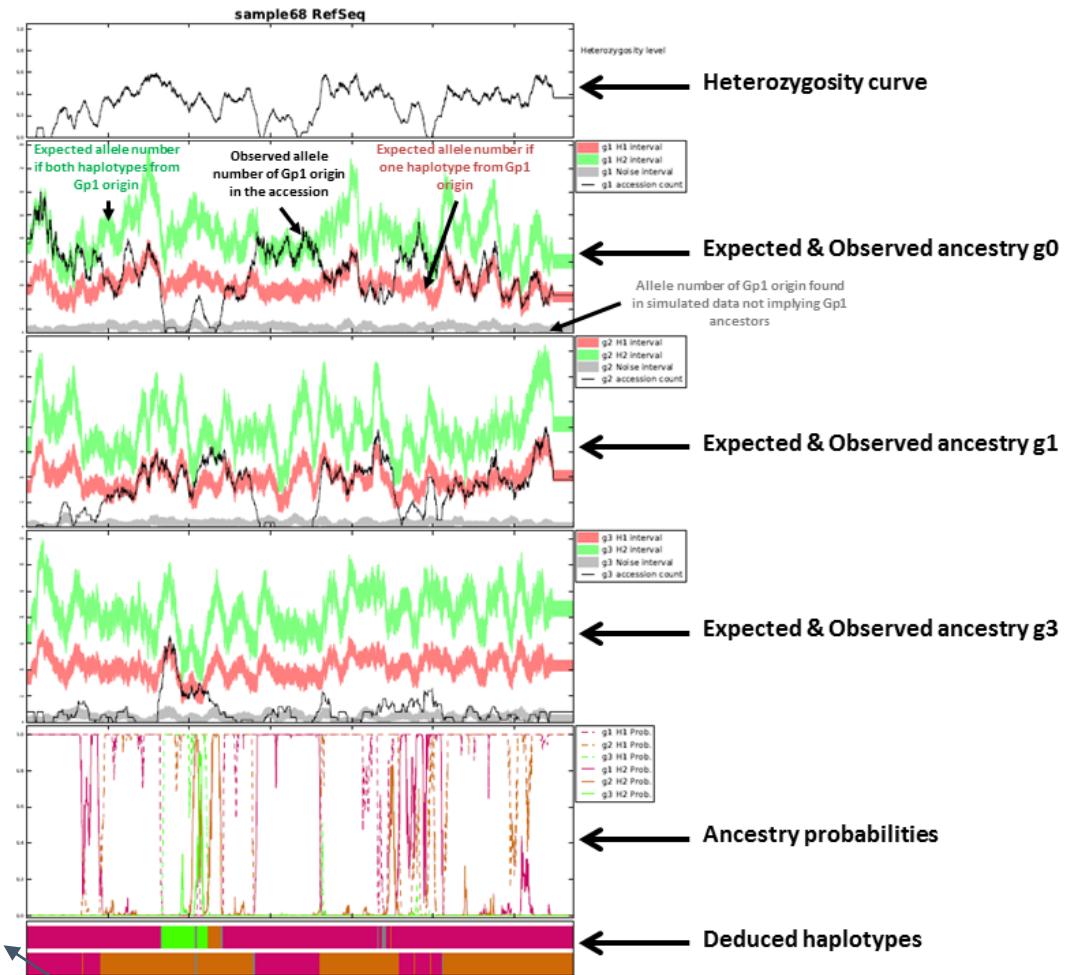
-**Chromosome tab:** informations servant à dessiner ces courbes ci-contre

-**Chromosome Haplotype:** positions des blocs mosaïque (x2)



Haplotype resume to use for circos visualization

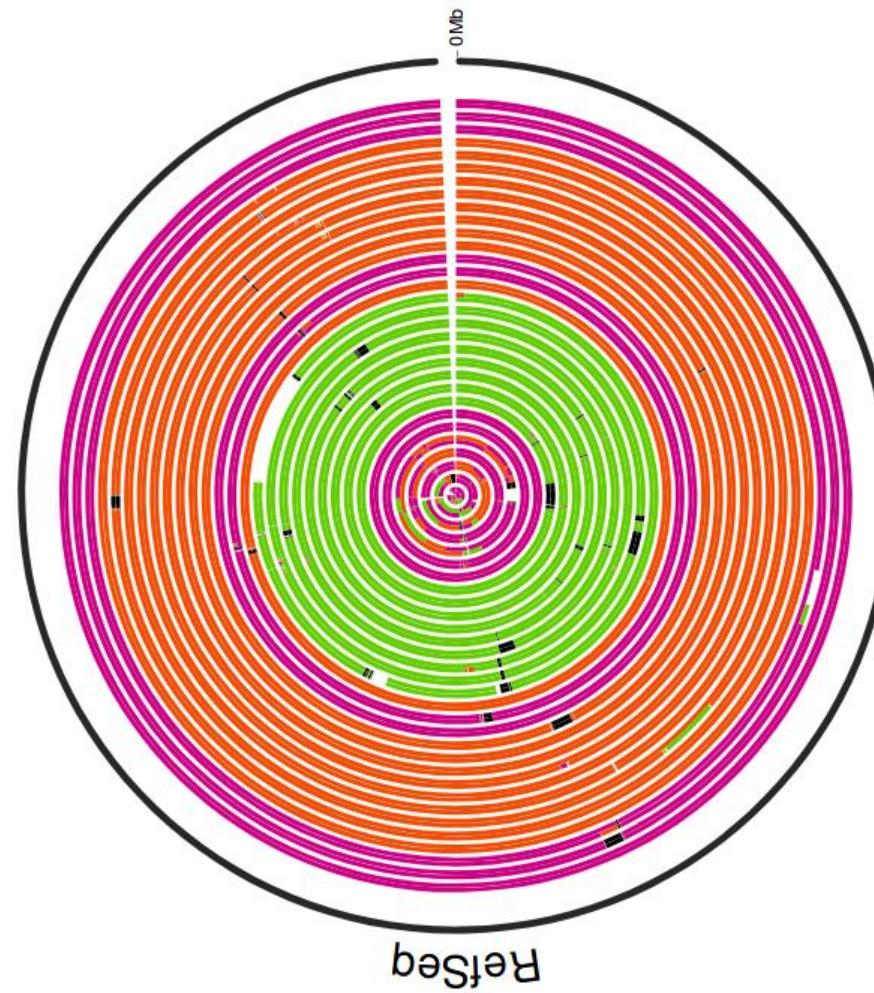
+
Chromosomes length



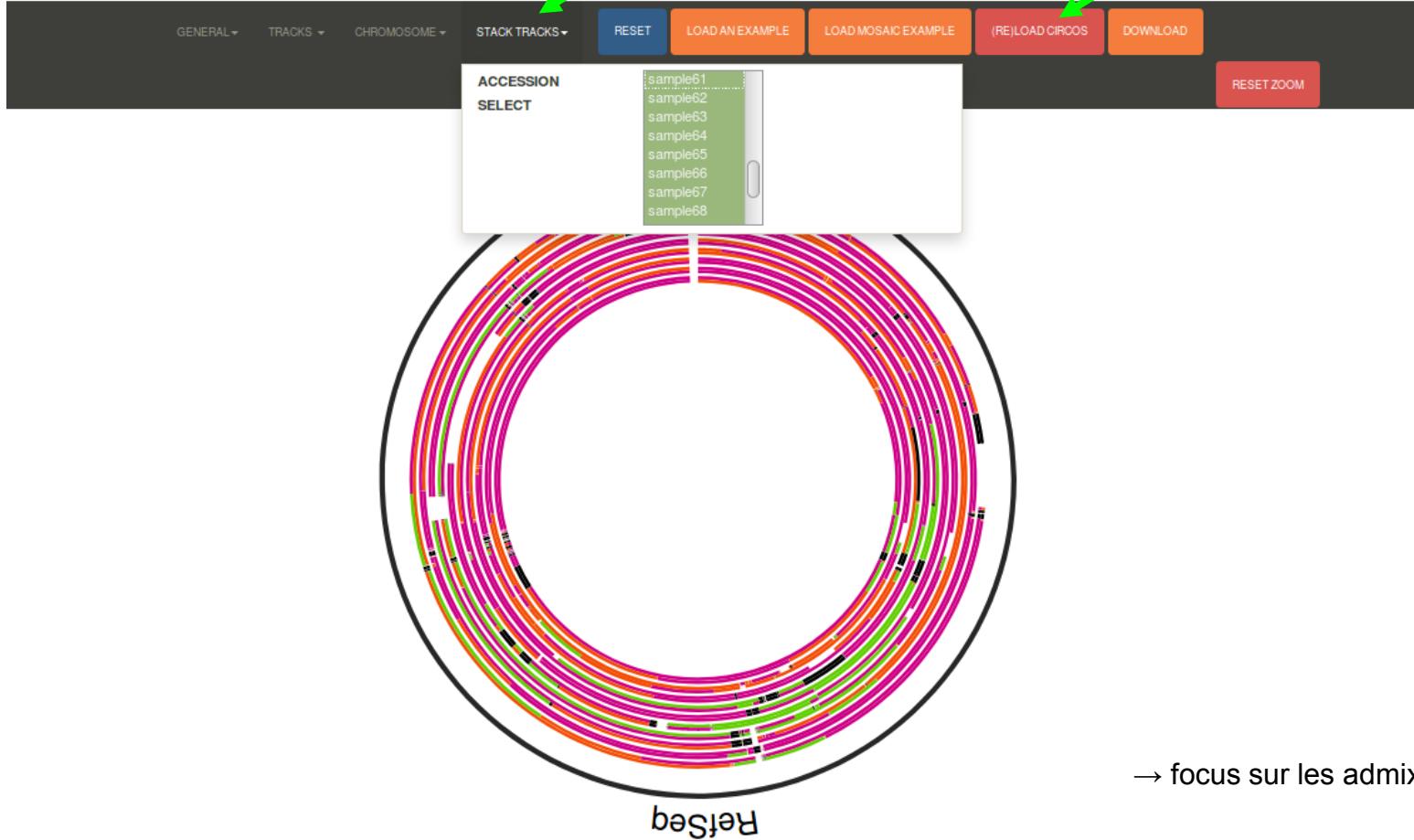
4) VCFHunter PAINTING

OUTPUTS

Pour tous les individus: **Circos**



4) VCFHunter PAINTING



→ focus sur les admix