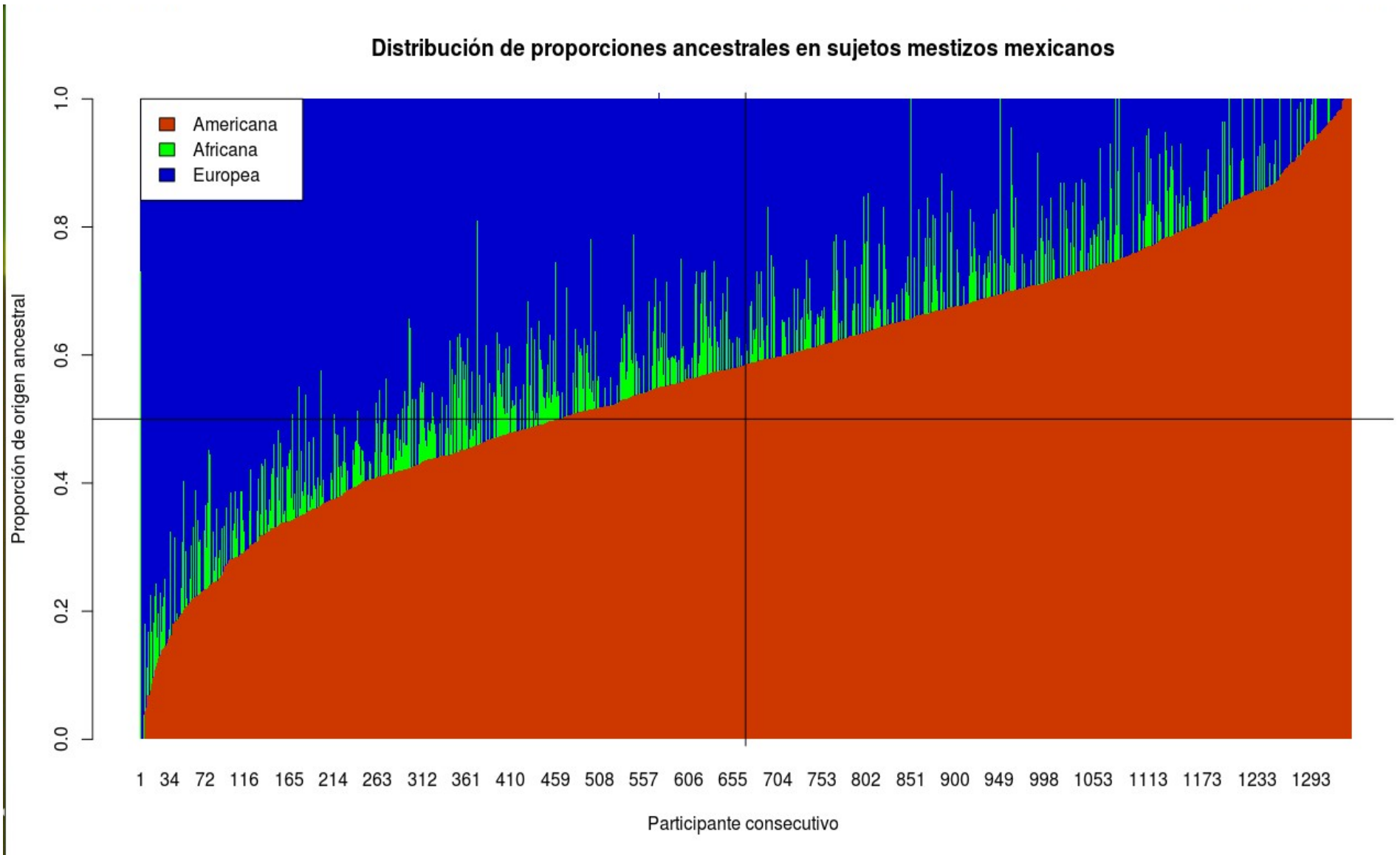


Cálculo y gráfica de ancestría global



- Descarga de admixture

<https://www.genetics.ucla.edu/software/admixture/download.html>

Colocar executable en carpeta bin o establecer
vía para ejecutar desde carpeta actual

- Correr admixture

```
admixture32 merge_QC.bed k
```

Correr admixture con $k=2,3,4$

- Unir ancestrias con identificadores

```
cut -f 1,2 -d " " merge_QC.fam | paste - merge_QC.3.Q >  
ancestrias_merge_QC.txt
```

```
wc ancestrias_merge_QC.txt
```

- Graficar ancestrias en R

```
ances <- read.table("ancestrias_merge_QC.txt")  
barplot(t(as.matrix(ances[,3:5])), border=FALSE, space=0,  
col=c("darkmagenta", "green", "orangered"))  
enes <- c(60,60,30,50,50)  
##opcional  abline(v=cumsum(enes), lwd=2, col="blue")  
poblaciones <- c("CEU", "YRI", "ZAP", "SON", "GUE")  
text(cumsum(enes)-enes/2, 0.9, poblaciones, col="blue")  
legend(175, 0.16, legend=c("Amerindio", "Africano", "Europeo"),  
fill=c("darkmagenta", "orangered", "green"))
```

- Ordenar SON y GUE

```
son <- (cumsum(enes)[3]+1):cumsum(enes)[4]
```

```
son
```

```
gue <- (cumsum(enes)[4]+1):sum(enes)
```

```
ances[son,] <- ances[son,][order(ances[son,3]),]
```

```
ances[gue,] <- ances[gue,][order(ances[gue,3]),]
```

- Volver a graficar

```
jpeg("ancestrias.jpeg")
```

```
barplot(...); text(...); legend(...)
```

```
dev.off()
```

- Agregar ancestría americana a archivo de covariables

```
awk '{print $2}' GUE_SON_QC.covar > ind_ids
```

```
grep -f ind_ids ancestrias_merge_QC.txt >  
ancestrias_GUE_SON_QC.txt
```

```
awk '{print $3}' ancestrias_GUE_SON_QC.txt |  
paste - GUE_SON_QC.covar >  
GUE_SON_QC_ances.covar
```

- Corregir asociación por componente ancestral americano

```
plink --bfile GUE2_SON_QC --logistic --covar  
--covar-number 3 --out GUE2_SON_QC_ances
```

- Hacer Manhattan y QQ de resultado