



# Rules&Tools – Tâche 1

## LDSO

### Linkage Disequilibrium with Several Options

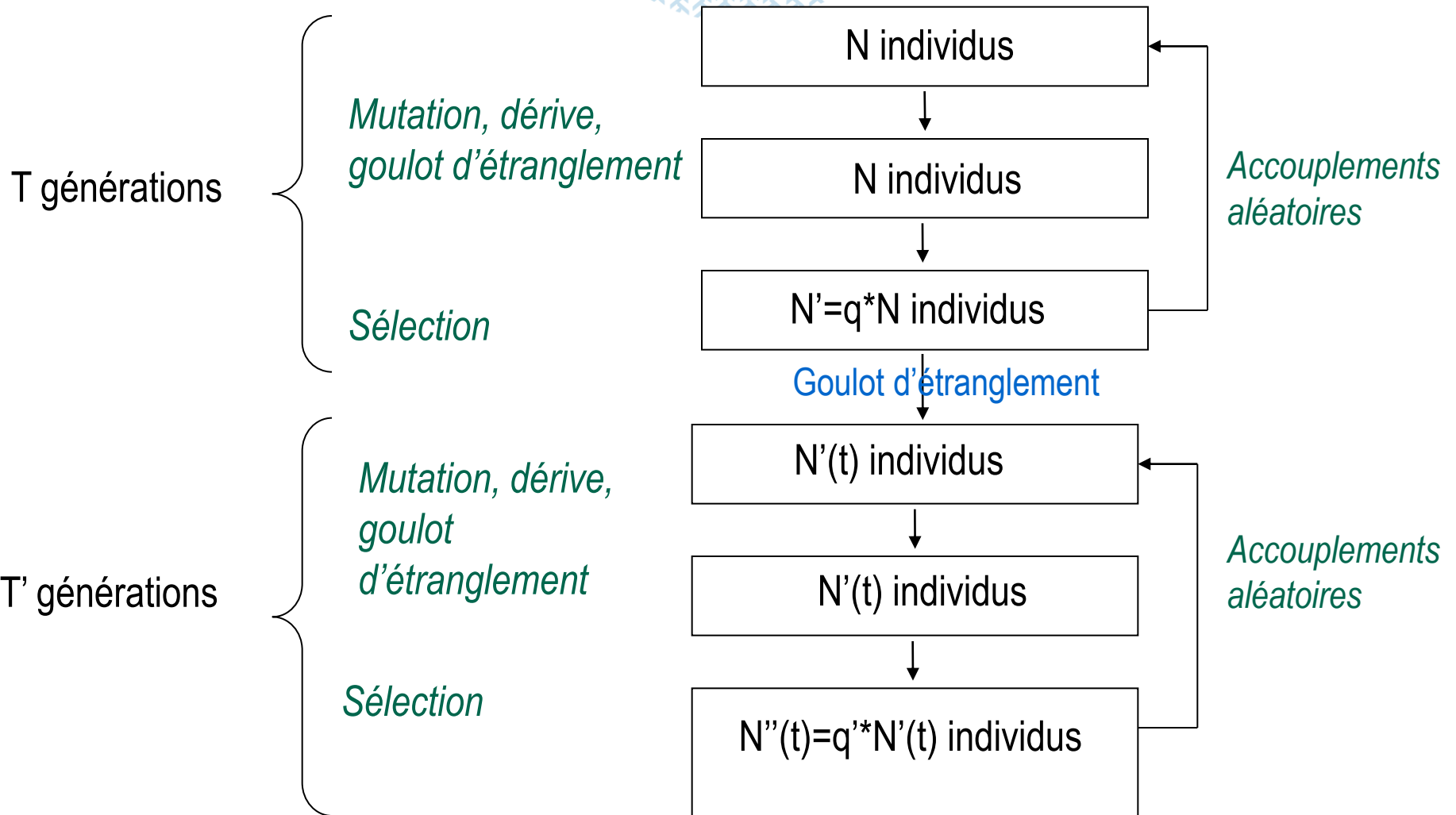
23-24 sept 2010

La Rochelle

# Principe général

- Simuler des données génétiques et phénotypiques pour la cartographie de QTL , gene dropping
- Simulations unicaractère prenant en compte
  - Forces évolutives : sélection, mutation, dérive génétique, goulot d'étranglement
  - QTL affectant un caractère
- Deux parties distinctes
  - Générations « historiques »
  - Générations « connues » : Populations de type porcin ou bovin laitier
- Propriétés : Fortran 90, Simulation < 30 secondes, Notice en anglais

# Création du DL, partie « historique »



$q, q'$  : proportion d'individus parents de la génération suivante ( $0 < q \leq 1, 0 < q' \leq 1$ )

# Création du DL, population

- Une ou deux populations de taille  $N$  ( $N_1$  et  $N_2$ )
- Pour chacune
  - Un ou plusieurs goulot d'étranglement (soudain ou progressif)
  - Nombre de générations  $T$  et  $T'$
  - Générations séparées
  - Accouplements aléatoires (modèle de Wright Fisher)
  - $N/2$  mâles x  $N/2$  femelles →  $N/2$  mâles x  $N/2$  femelles
  - Sélection possible par troncature : proportion  $q$  de parents possibles
  - Introgressions et / ou mélanges de population

# Création du DL, données génétiques (1)

- M marqueurs bialléliques ou multialléliques
- Un ou plusieurs groupes de liaison K
- Carte génétique, nombre et positions marqueurs à donner
- Taux de mutation à indiquer
- Méthode selon fonction de Haldane (processus de Poisson)

# Création du DL, données génétiques (2)

- L QTL: nb d'allèles, positions à donner, effets  $a_{q_l}$  fixes ou tirés dans une Gamma ( $\sum_l a_{q_l} = 0$ )
  - Effets QTL additifs, pas d'interaction
  - Déséquilibre de liaison initial total ou nul
  - Taille haplotype à définir
- 
- Pour chaque locus,  $2N$  copies numérotées en génération 1

# Création du DL, phénotypes

- $y = \sum a_{qi} + \text{polygénique} + \text{environnement}$
- Chaque descendant reçoit  $\frac{1}{2}$  polygénique de chaque parent plus un aléas de méiose  $\Phi$
- $\sigma_p$  et  $\sigma_e$  à donner en entrée,  $\Phi \rightarrow (0, \frac{1}{2} \sigma_p^2)$

# Création du DL, outputs possibles

- Générations documentées (1 à T)
- LD entre marqueurs ou haplotypes ou avec le QTL ( $D'$  ou  $\chi^2$ )
- Status IBD entre allèles ou haplotypes
- Apparentement / locus
- Nombre haplotypes ou allèles présents, nombre de copies



# Population pour la carto : partie « pedigree QTL»

2 cas:

1 seule population historique

→ Design « fille » et petite « fille »

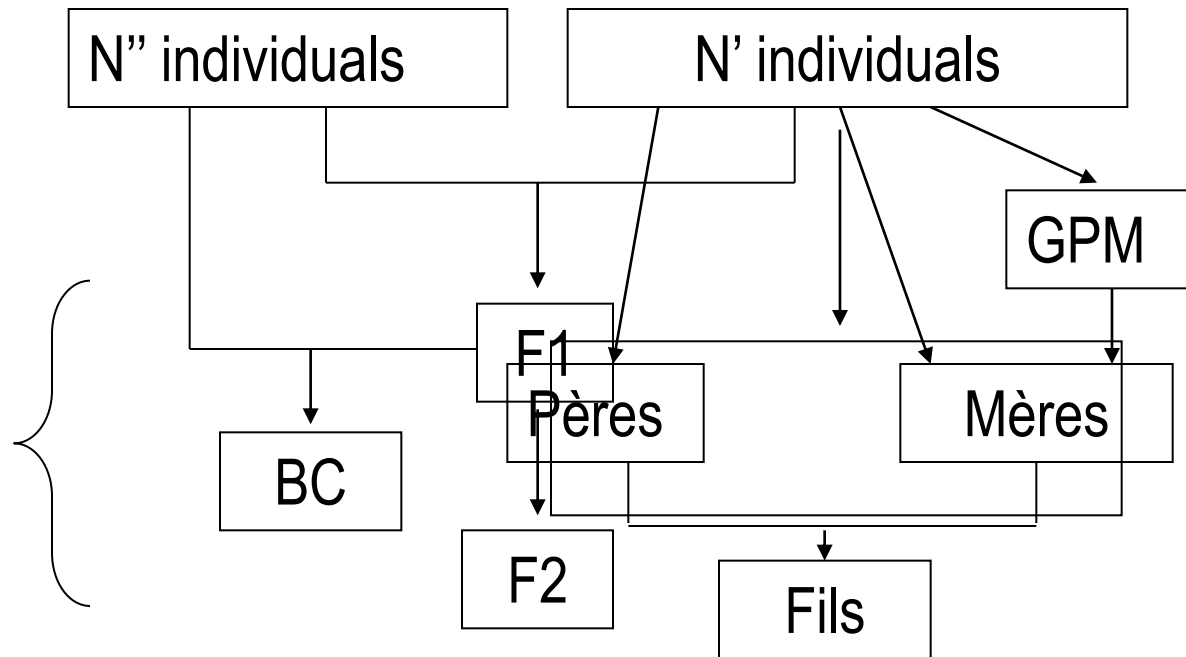
2 populations historiques:

- F1, F2 puis BC
- Panmixie complète entre les 2 populations
- Croisement partiel entre les 2 populations.

2 dernières générations génotypées

# Partie « pedigree QTL »

Génération  
« connues »



# Pedigree QTL, outputs possibles

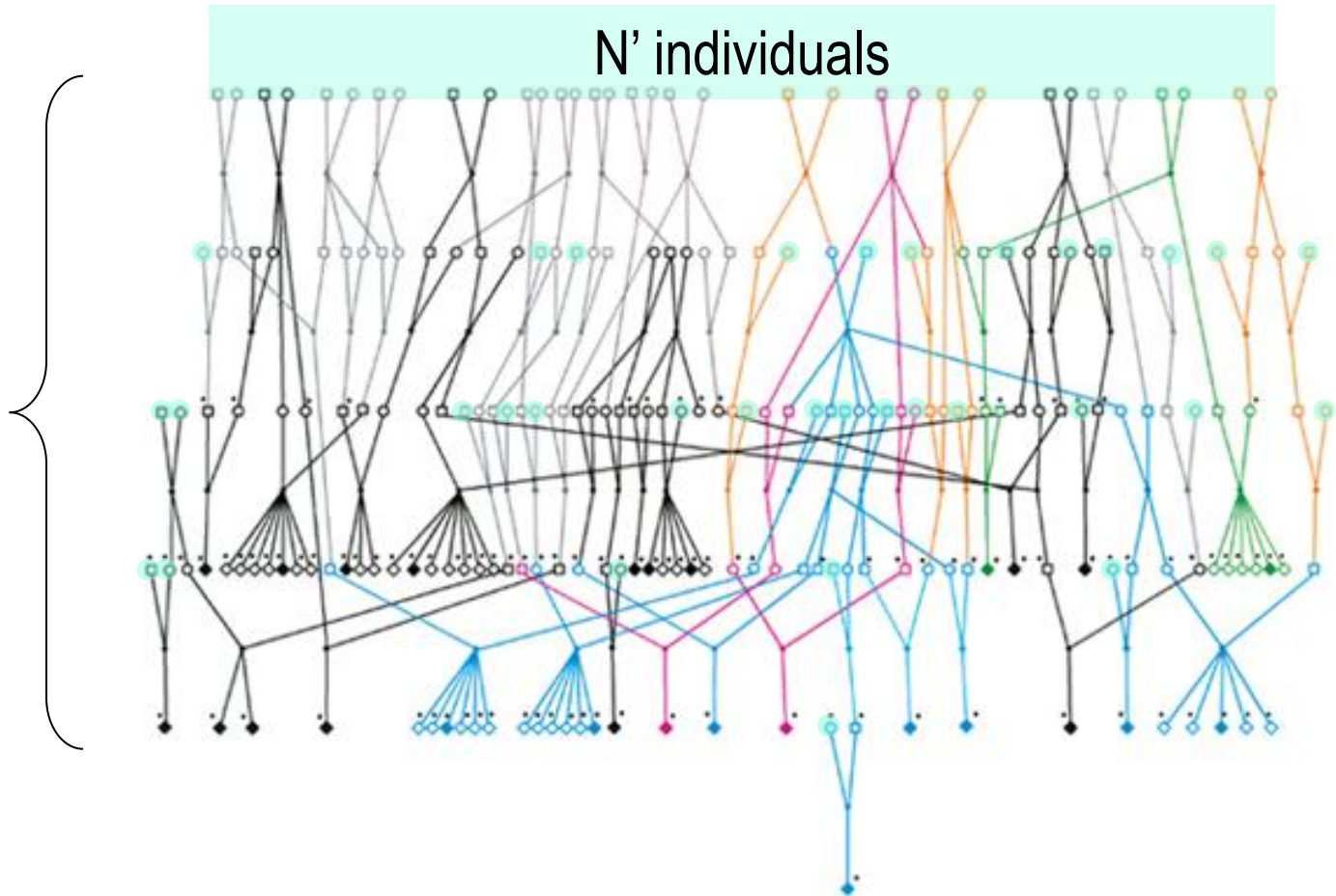
- Pedigree sur deux générations, en fonction nb parents et descendants par parent
- Genotypes pour tous les individus du pedigree (avec ou sans QTL, haplotypé ou non)
- Performances
- Nb de pères hétérozygotes au QTL

# Pedigree, développements Simon et Dana

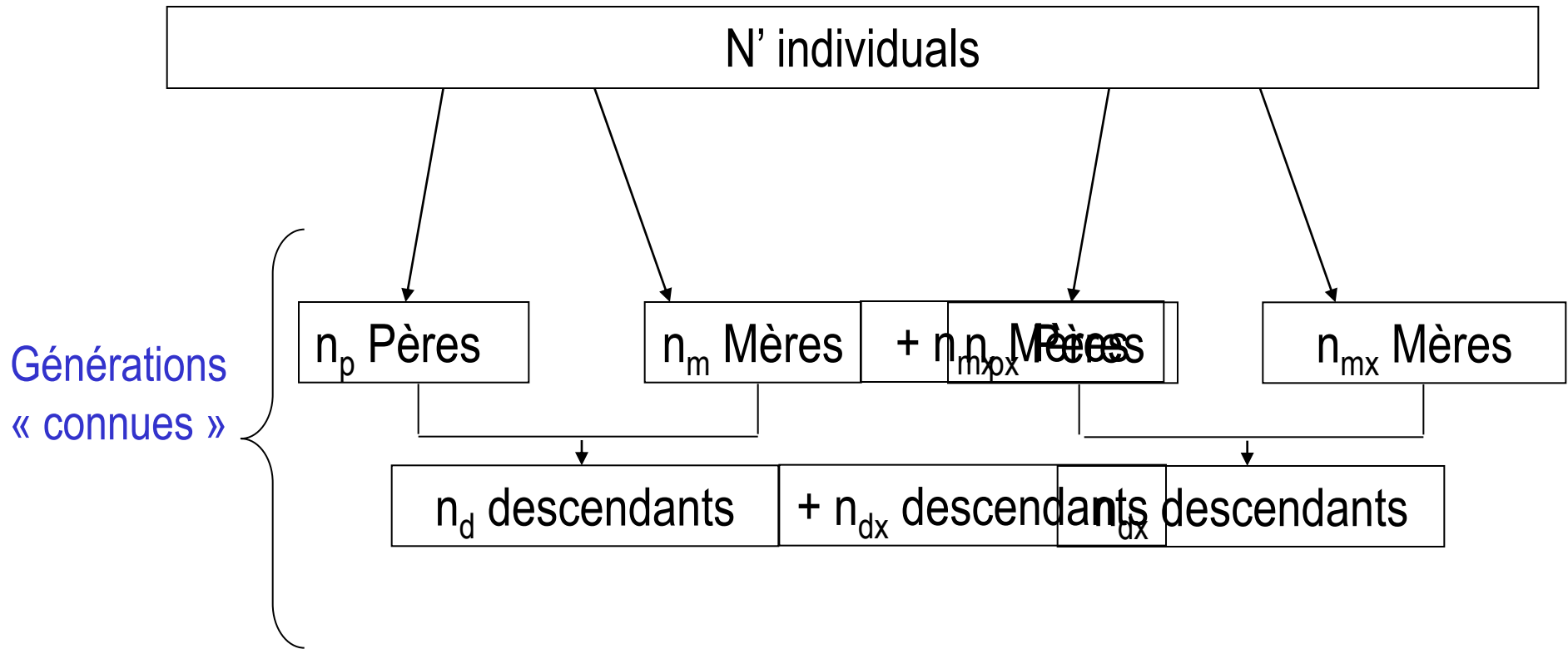
- Partie pedigree type deux générations remplacée par
  - Pedigree connu
  - Pedigree connu « extensible »

# Pedigree connu

Génération  
« connues »



# Pedigree étendu



# Pedigree connu ou étendu, outputs possibles

- Pedigree
- Genotypes pour tous les individus du pedigree
- Performances

# LDSO, manques identifiés

- Multicaractère
- Interactions entre locus
- Maîtrise  $h^2$
- Sélection par EBV