

**WORKSHOP
DE BIOINFORMÁTICA
APLICADA À GENÔMICA E
MELHORAMENTO ANIMAL**



AULA PRÁTICA 5

GWS para dados longitudinais



Fabyano Fonseca e Silva

**Prof. Adjunto IV - Dep Zootecnia – UFV
Estatística Genômica e Bioinformática**

Campo Grande, 14/07 a 15/07 de 2014

library(rrBLUP)

```
dados=read.table("gs2_longit.txt",h=T) #lendo dados longitudinais (peso x idade)

#ajuste individual das curvas de crescimento

step1=by(dados, dados$id, function(x) nls(y ~ a/(1+b*exp(-k*x)), start =
list(a=700,b=10, k=0.005), data=x))

sapply(step1, coef) #arquivando as estimativas dos parametros

a=as.matrix(sapply(step1, coef)[1,])
b=as.matrix(sapply(step1, coef)[2,])
k=as.matrix(sapply(step1, coef)[3,])

genotipos=read.table("gs2_gen.txt",h=T) #lendo o arquivo de genótipos

M=as.matrix(genotipos[,-(1)]) #definindo matriz de marcadores
dim(M)

fit_a= mixed.solve(a,Z=M) #rr-blup para fenótipo a (peso adulto)
ua1=mean(a)+M%*%fit_a$u

fit_b= mixed.solve(b,Z=M) #rr-blup para fenótipo b (parametro de integracao)
ub1=mean(b)+M%*%fit_b$u

fit_k= mixed.solve(k,Z=M) #rr-blup para fenótipo k (taxa de maturação - velocidade)
uk1=mean(k)+M%*%fit_k$u
```

```

result=data.frame(cbind(genotipos$id,ua1,ub1,uk1)) #arquivo de gebv's para a, b e k
colnames(result)<-c("id","ua1","ub1","uk1")
head(result)

result1=merge(dados,result, by=intersect("id","id")) #mergeando com dados longit
head(result1)

#curva de crescimento genômica estimada com base nos GEBVs para a, b e k
y_gen1=result1$ua1/(1+result1$ub1*exp(-result1$uk1*result1$x))

final_rrblup=data.frame(cbind(result1,y_gen1)) #arquivo para fazer o grafico
head(final_rrblup)

#gráfico das curvas de crescimento genômicas estimadas para os 100 primeiros id's
library(lattice)

xyplot(y_gen1[1:500] ~ x[1:500], data = final_rrblup, groups = id, type="a",
xlim=c(0,530), xlab="tempo (dias)", ylab="Peso (kg)",auto.key = list(space =
"right", points = FALSE, lines = TRUE))

# GEBVs para peso no tempo não observado x=100 dias
gebv_100=as.matrix(unique(result1$ua1/(1+result1$ub1*exp(-result1$uk1*100))))

```

```

# Estimando efeitos de marcadores ao longo do tempo

gebv0=final_rrblup[final_rrblup$x==0,]$y_gen1
library(MASS)
snp0=ginv(t(M)%*%M)%*%(t(M)%*%gebv0)

library(MASS)
snp100=ginv(t(M)%*%M)%*%(t(M)%*%gebv_100) #OBS. X=100 é um tempo não observado

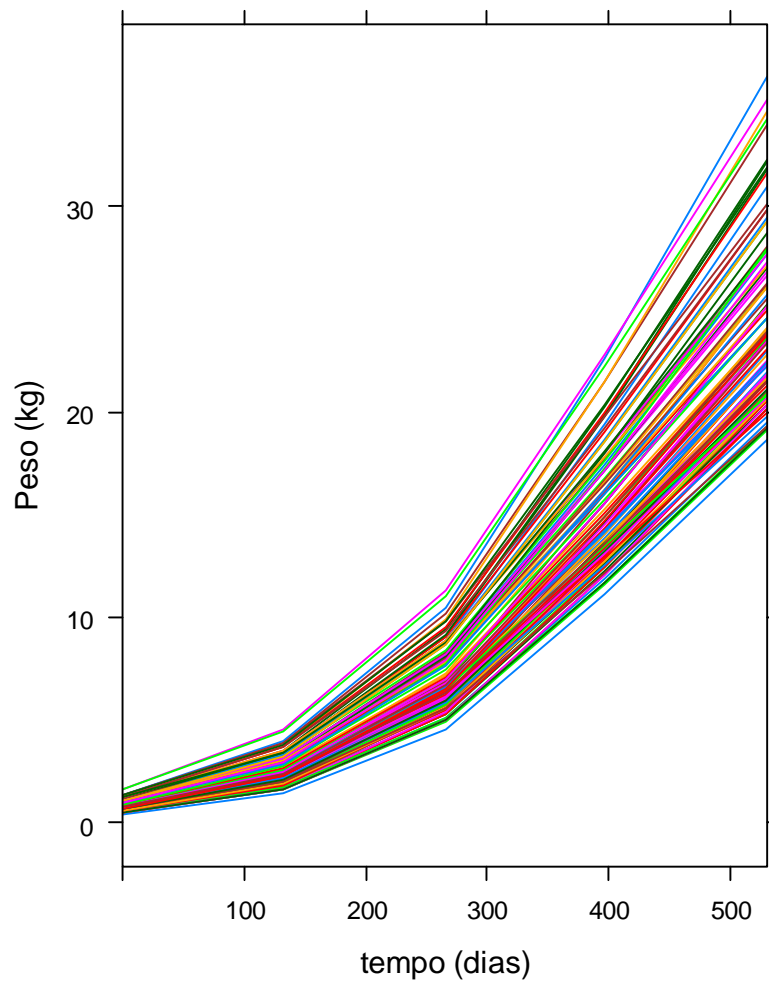
gebv530=final_rrblup[final_rrblup$x==530,]$y_gen1
library(MASS)
snp530=ginv(t(M)%*%M)%*%(t(M)%*%gebv530)

snp_effect=data.frame(rbind(as.matrix(snp0), as.matrix(snp100),as.matrix(snp530)))
snp_final=data.frame(cbind(rep(colnames(M),3),sort(rep(c(0,100,530),ncol(M))),snp_effect))
snp_final1= data.frame(snp_final[order(snp_final[,1]),]) #ordenando por snp
colnames(snp_final1)=c("SNP","x","effect")

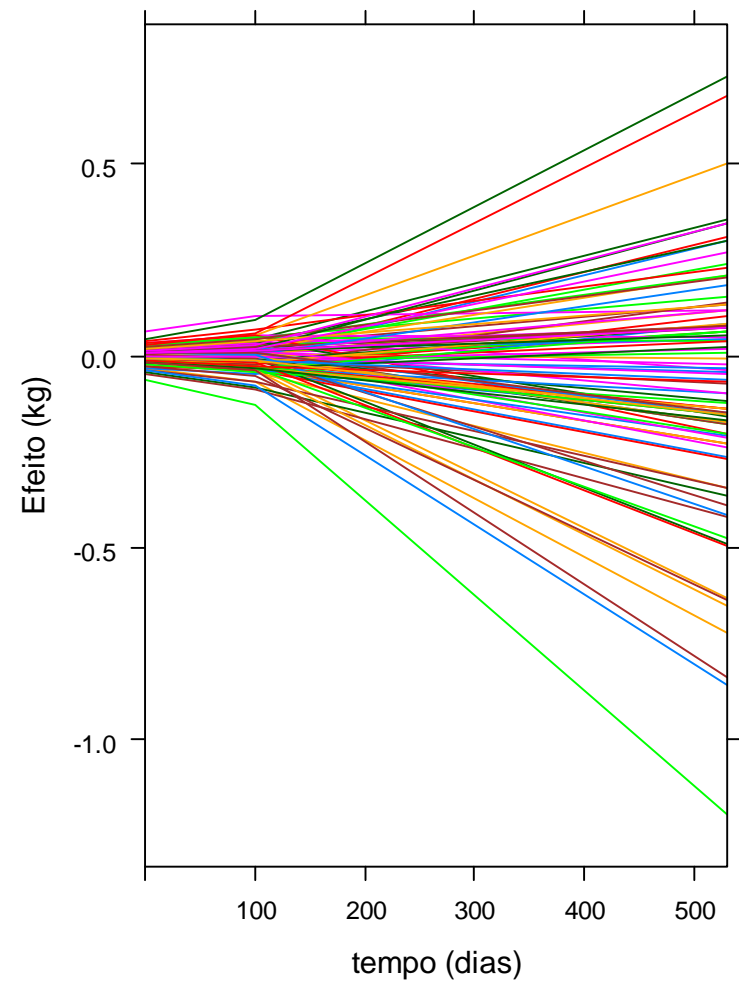
#gráfico dos efeitos dos 100 primeiros SNPs ao longo do tempo
library(lattice)

xyplot(effect[1:300] ~ x[1:300], data =snp_final1, groups = SNP, type="a",
xlim=c(0,530), xlab="tempo (dias)", ylab="Efeito (kg)",auto.key = list(space =
"right", points = FALSE, lines = TRUE))

```



“curva de crescimento genômica”



“Efeito de marcadores SNPs ao longo do tempo”