

R のインストールと R/ctl の準備

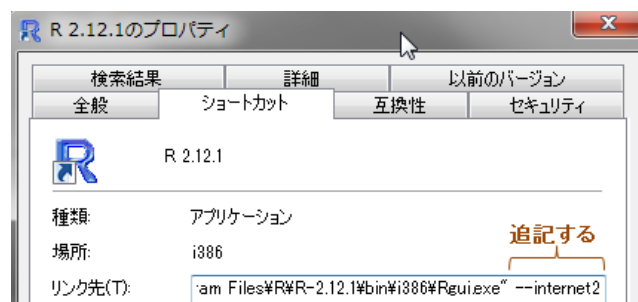
R のインストール

R の情報（日本語）は、RjpWiki <http://www.okada.jp.org/RWiki/?RjpWiki> などにまとめられています。説明に従って最新版の exe ファイルをダウンロードし、クリックしてインストールします。インストール終了後、デスクトップのアイコンをクリックすると R が起動します。

ctl パッケージのインストール

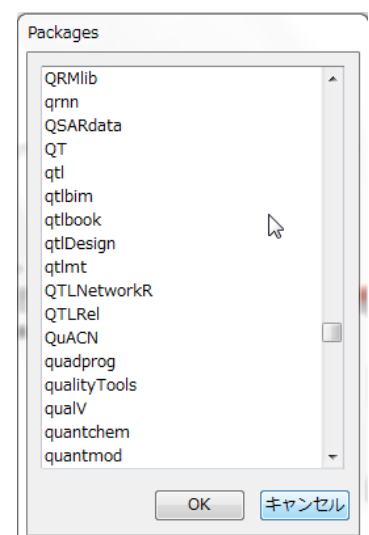
R には（連鎖地図の作製と）QTL 解析を行うためのパッケージが用意されています。今回はそのうちの **ctl** パッケージをインストールします。

(注意) プロキシ経由でインターネットに接続する環境で、R のパッケージインストールを行う場合、以下のようにアイコンのプロパティ（アイコンを右クリックして表示）で、リンク先の **Rgui.exe** の後ろに、**半角空白+internet2** と入力しておき、アイコンをクリックして R を起動し直します。



・ファイルメニューから、[パッケージ]->[パッケージのインストール]を選び、CRAN mirror のリストから適当なミラーサイトを選びます（例えば Japan(Hyogo)）。インストール可能なパッケージリストがアルファベット順で表示されるので、**ctl** を選びインストールします。インストールしたパッケージは、R 起動後に、**library(ctl)**

というコマンドを実行すると利用できるようになります。

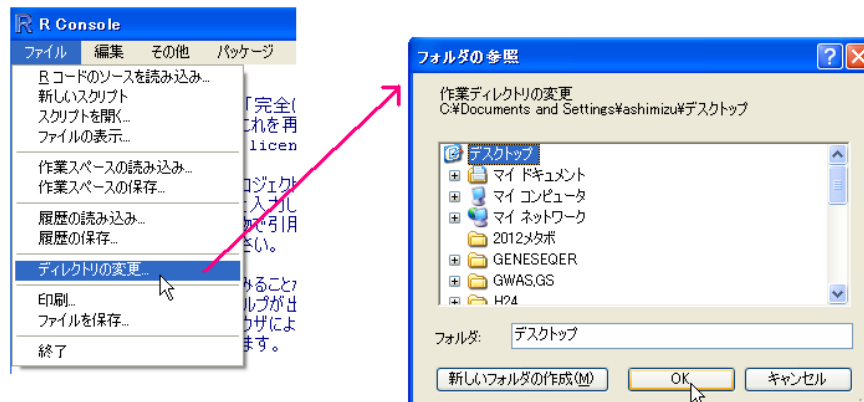


マルチタスク用パッケージのインストール

同様にパッケージリストから **snow** を選びインストールしておくと、並べ替え検定など繰り返しの計算で並列処理ができるようになります。これも **library()** で利用します。以下の R 操作では、関数内の **n.cluster** オプションでマルチタスクに用いる CPU 数を指定しています（数字は使用するコンピュータの性能によって変わる）。

作業用フォルダの設定

ファイル入出力用の作業用フォルダを設定しておく必要があります。ダウンロードした例データ [test.csv](#), [test2.csv](#) は作業用フォルダに置いて使用します。作業用フォルダの設定は、R を起動後に[ファイル]→[ディレクトリの変更]で場所を指定して行います。もしくはアイコンを右クリックして開いたプロパティ画面の作業用フォルダのパスに指定します。



以下で、R への入力コマンドは **ゴシック赤字** で表記しています。#より右はコメントで入力の必要はありません。演習上の操作は、入力コマンド部分のみをコピー&ペーストすることで再現できます。

データの読み込み

qtl ライブラリーを起動し、例データを読み込みます。

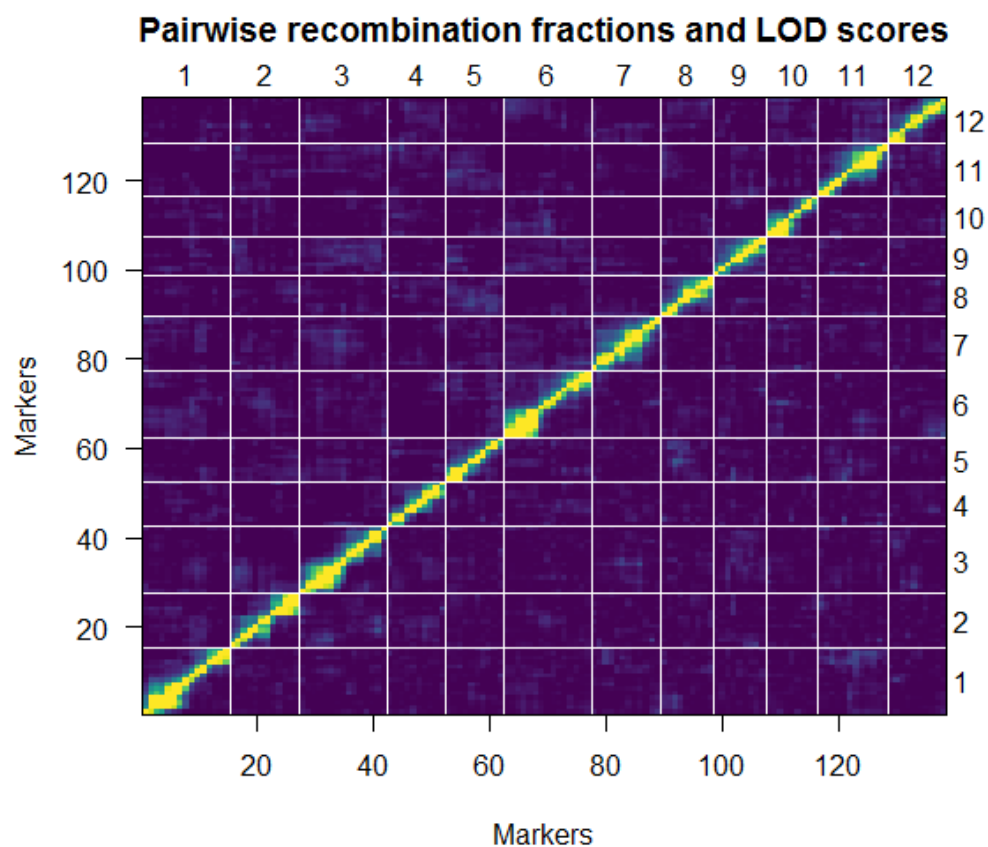
```
library(qtl) #ライブラリー起動
testmap <- read.cross("csvr", file="test.csv", estimate.map=FALSE) #データ読み込み
summary(testmap) #交配タイプ、個体数、マーカー数、表現型数、を確認する
```

test.csv はイネ品種間の F₂ 集団 (94 個体) から得たデータで、3 種類の形質値と 138 のマーカー遺伝子型を調べたものです。

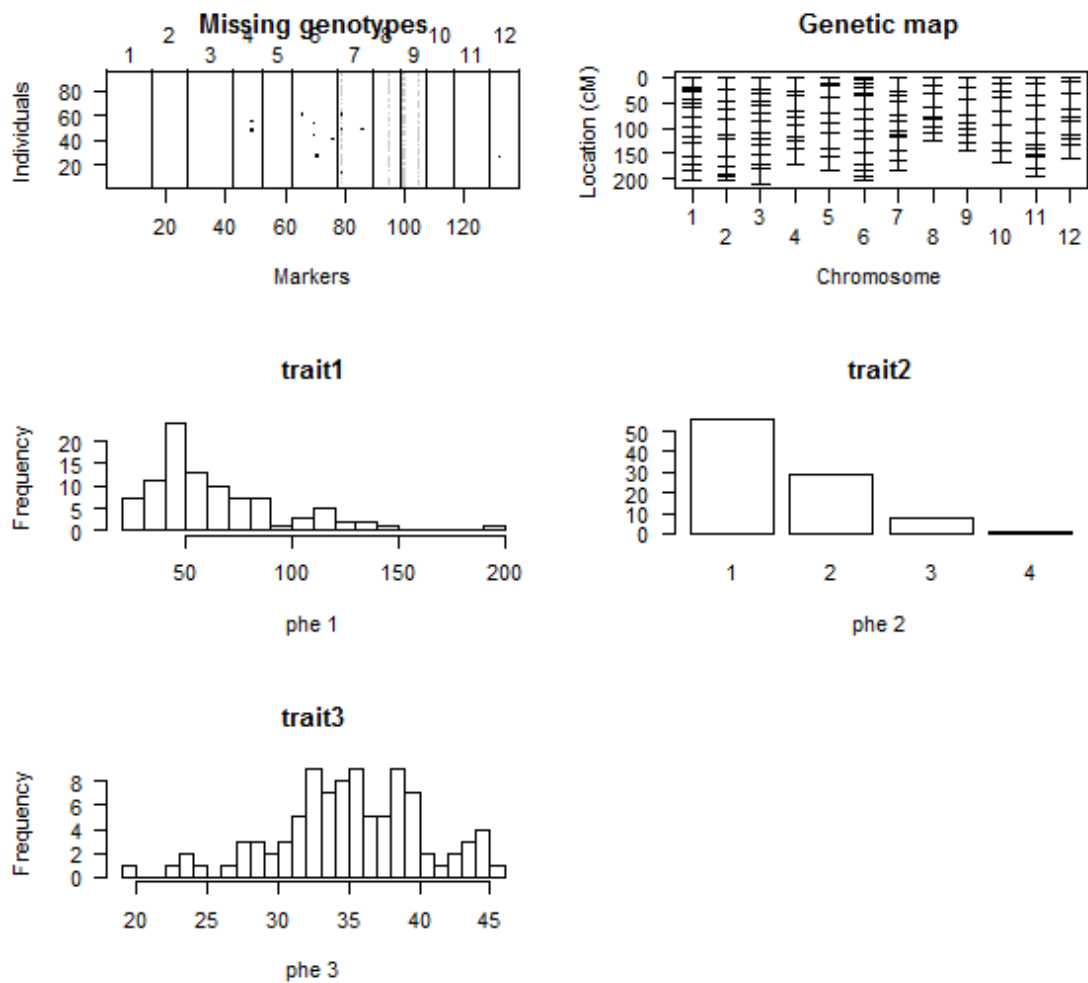
形質名 or マーカー名		染色体 or 連鎖群	遺伝距離(cM)	共優性マーカーの場合、A:母親ホモ、B:父親ホモ、H:ヘテロ 優性マーカーの場合、A:母親ホモ、C:父親ホモかヘテロ B:父親ホモ、D:母親ホモかヘテロ																
				A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q
形質データ	1	trait1				33.3	39.5	37	117	66.8	79.9	119	20.9	34.8	82.2	65.2	109	63	81.4	...
	2	trait2				37.2	34.6	34.7	35.5	29.2	38.5	35.8	34.5	29.5	38.5	33.2	34	23.8	28	...
	3	trait3				1	3	1	2	1	1	2	2	2	2	2	1	1	1	...
遺伝子型データ	4	RM462	1	0		H	H	H	H	H	H	H	A	B	H	A	H	B	H	...
	5	RM552	1	23.9		B	H	H	H	B	H	H	H	H	H	H	H	H	H	...
	6	RM1	1	26.6		B	H	H	H	B	H	H	H	-	H	H	H	H	H	...
	7	RM220	1	29.9		B	H	H	H	B	H	H	H	H	H	H	H	H	H	...
	8	RM490	1	45.4		B	H	H	H	B	H	H	H	H	H	H	H	H	A	...
	9	RM259	1	52.3		B	H	B	H	B	H	H	H	H	H	H	B	A	A	...
	10	RM243	1	58.5		B	H	B	H	B	H	A	H	H	H	H	B	H	A	...
	11	RM23	1	77.3		H	H	B	H	B	A	A	H	H	H	H	B	H	H	...
	12	RM2	1	86.2	
	13	...	1
	14	...	1

R/qtl には、読み込んだ遺伝子型データのマーカー順序を検証し、連鎖地図を探索するコマンドも用意されています。

```
#マーカー間連鎖の確認例
plotRF(testmap)
```



`plot(testmap)` #欠損データ、連鎖地図、形質別ヒストグラムを表示



一般的な QTL 解析は、形質が正規分布に従う統計モデルを仮定しています。分布が大きくズレる場合は、外れ値の有無や、形質値データの精度・再現性に問題がないか確認します。