

Multiple-QTL マッピング

清水顕史

R/qtl の Multiple-QTL マッピングを用いると様々な網羅的データ（オミクスデータ）に対応した xQTL 解析を扱うことができます。xQTL とは、例えばマイクロアレイプローブ上の遺伝子発現量のようなトランスクリプトームデータを表現型値として扱う QTL 解析で、expressionQTL(eQTL)、metaboliteQTL(mQTL)、proteinQTL(pQTL)などがあります。そのさい、マルチタスク用の snow パッケージを利用することで、複数形質の同時解析の場合でも効率よく解析できます。

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、R の出力結果は青字です。#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。

```
library(qtl) #ライブラリー起動
library(snow) # マルチタスク用パッケージ起動
```

```
testmap <- read.cross("csvr", file="ril.csv", estimate.map=FALSE) #データ読込
testmap <- convert2riself(testmap) # RI self としてデータを処理する
```

```
This is an object of class "cross".
It is too complex to print, so we provide just this summary.
RI strains via selfing

No. individuals: 95

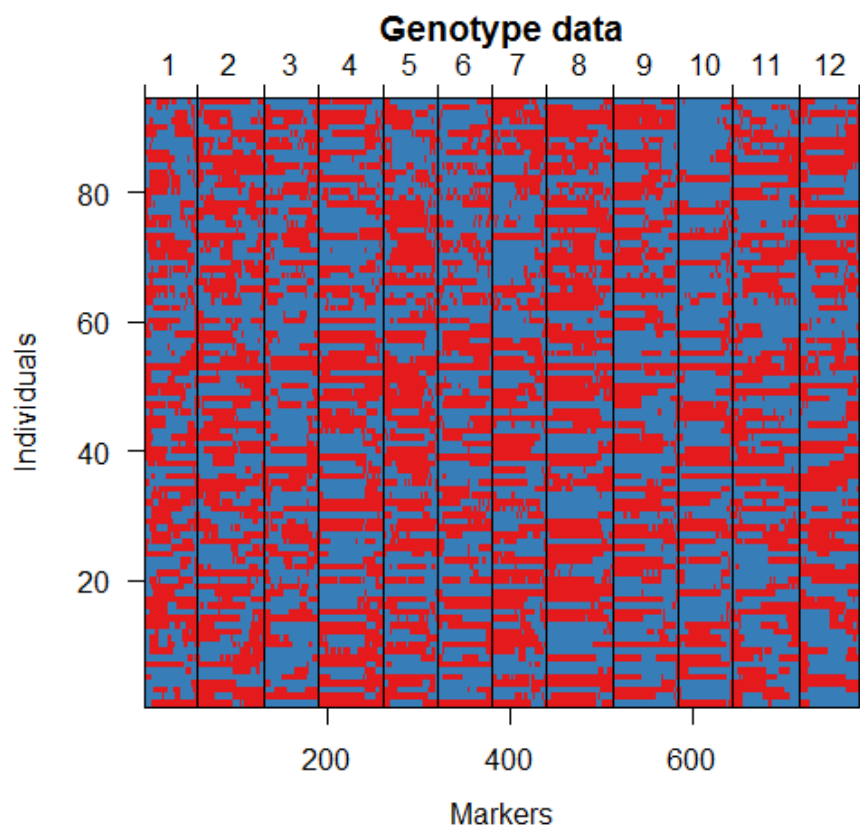
No. phenotypes: 12
Percent phenotyped: 93.6 91.5 92.6 93.6 91.5 91.5 93.6 91.5 92.6 91.5
                    90.4 89.4

No. chromosomes: 12
Autosomes: 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12

Total markers: 782
No. markers: 56 75 59 71 59 60 59 74 70 60 74 65
Percent genotyped: 98.1
Genotypes (%): AA:47.4 BB:52.6
```

#multiple-QTLマッピングを行うためには、遺伝子型データの欠損を補う処理をする必要があり、
#augmentation処理か、imputation処理を行う。今回用いる例データは欠損データが多いので、
#imputation処理を行った。

```
test_imp <- fill.geno(testmap) #欠損データの処理を行う(imputation)
geno.image(test_imp) #グラフィカルジェノタイプの表示
```



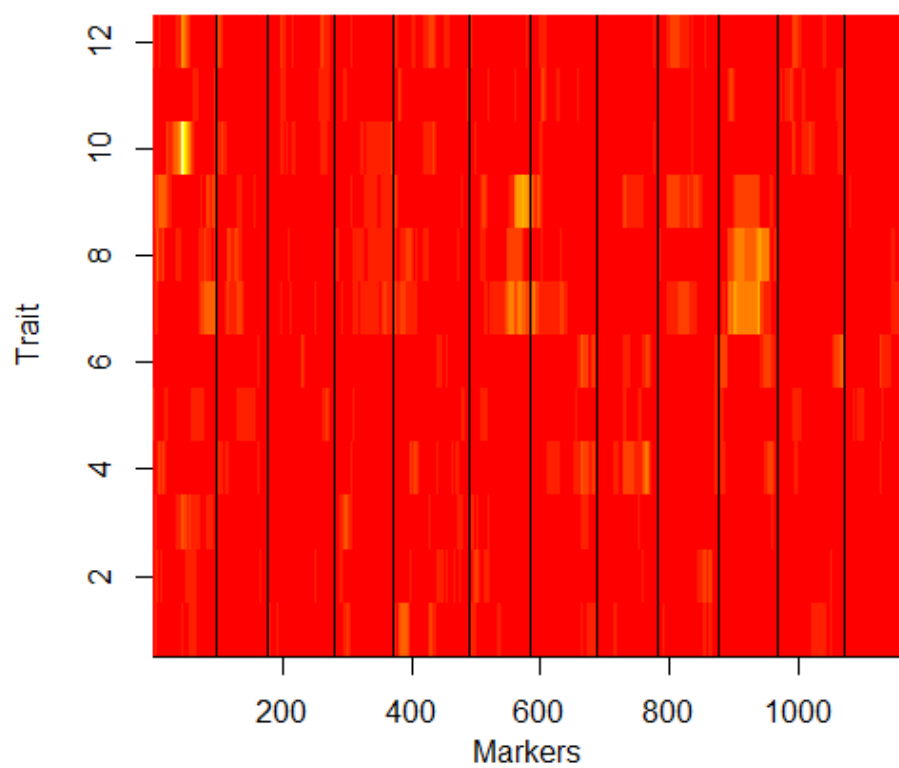
#multiple-QTLマッピングの初期モデルを計算

```
mqm_imp <- mqmscanall(test_imp, n.cluster = 4)
```

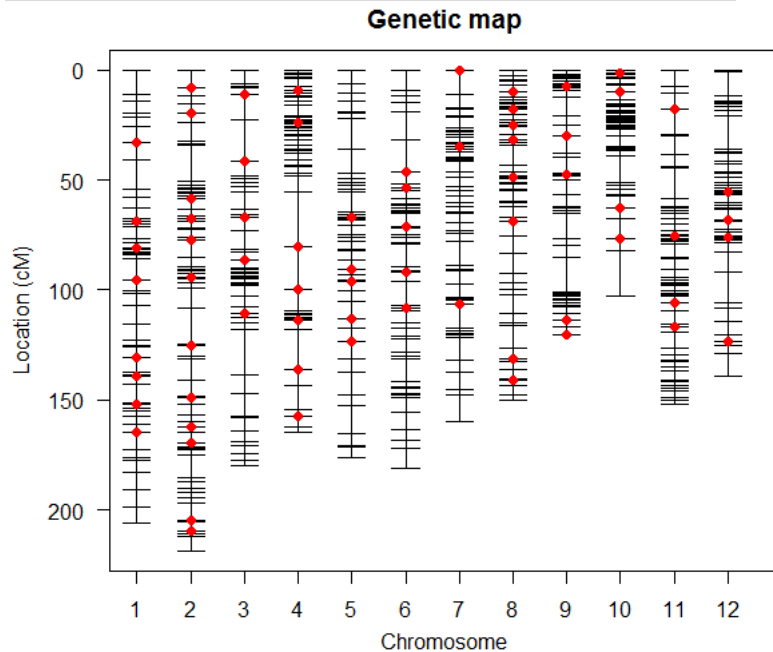
```
mqmplot.multitrait(mqm_imp, type = "image")
```

#全12形質を解析する

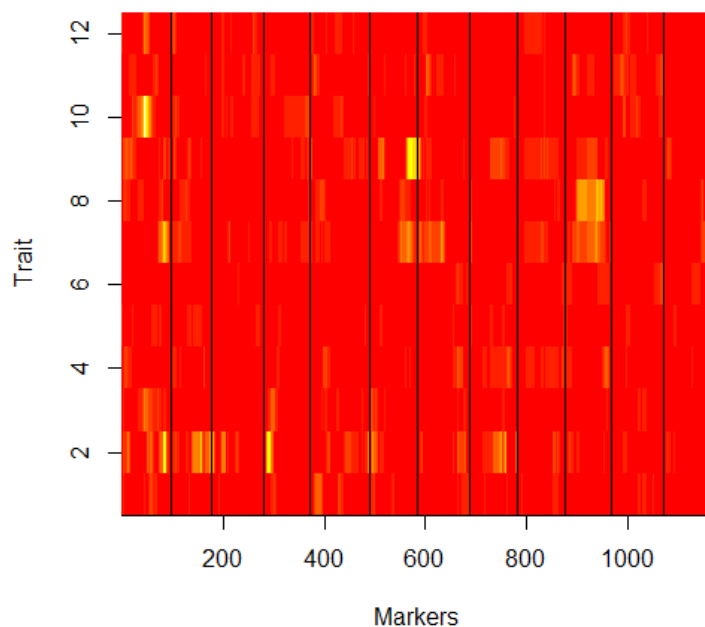
#heatmapによる表示



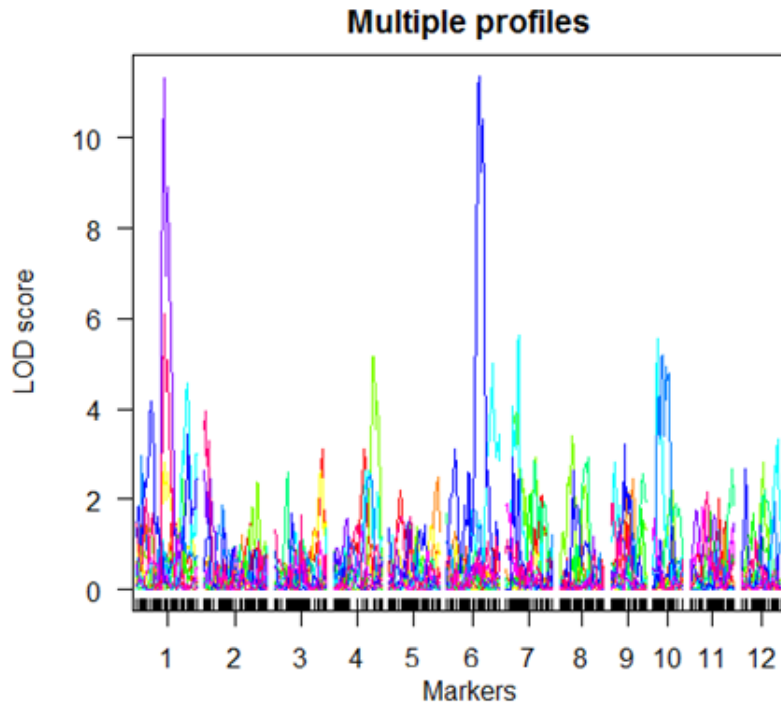
```
#(教師なし)後退消去(backward elimination)によるMQMモデル
#一度に複数個所の遺伝子型情報を考慮にいれたQTL解析を行うためcofactor(余因子)マーカーを設定
#cofactorは系統数-15まで設定できる。
#mqmautocofactors関数を用いるとマーカー密度を考慮して自動配置してくれる。
cofactorlist <- mqmautocofactors(test_imp, num=70)#cofactorを70に。
mqmplot.cofactors(test_imp, cofactorlist, justdots = TRUE) #cofactor の位置を表示
```



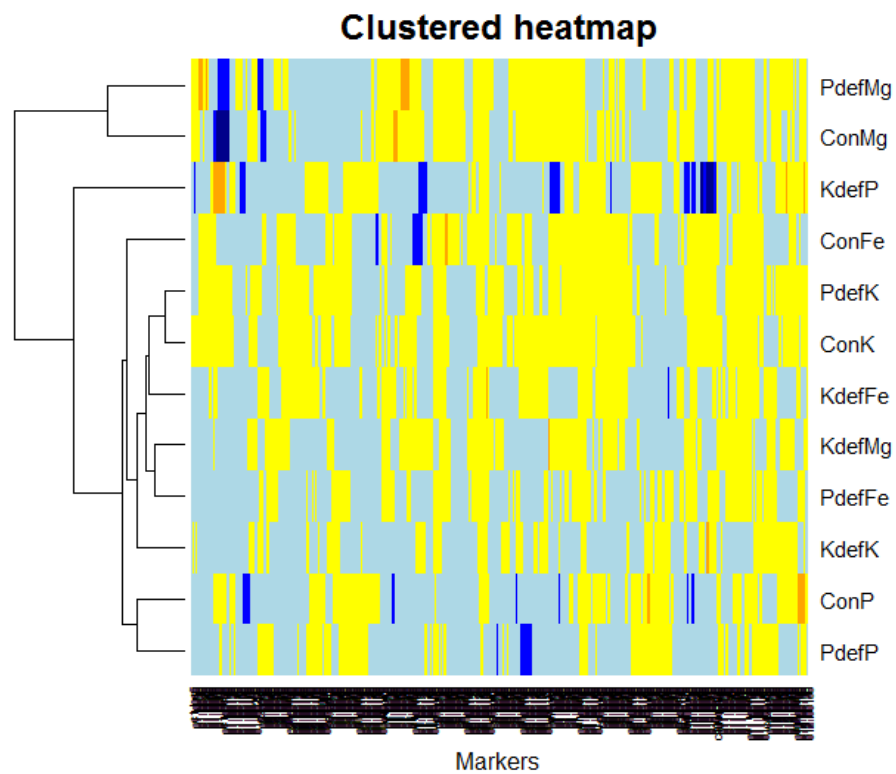
```
mqm_imp <- mqmscanall(test_imp, cofactors = cofactorlist, n.cluster = 4)
mqmplot.multitrait(mqm_imp, type = "image") #heatmap表示
```



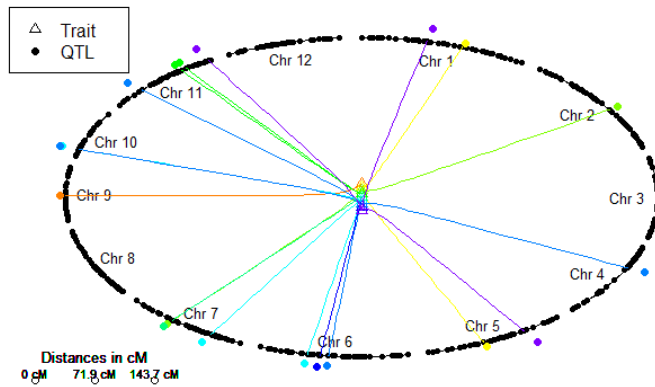
```
mqmpplot.multitrait(mqm_imp, type = "lines") #LODプロファイル表示
```



```
mqmpplot.clusteredheatmap(test_imp, mqm_imp) #各形質のQTLプロファイル进行クラスタリング
```



#Multiple-QTL マッピングによる全形質と座間相互作用のサークル・プロット
 #各染色体の連鎖地図は円周上に配置されます。
 #地図中の●は QTL、遺伝子座間の相互作用は線分で
`mqmplot.circle(test_imp, mqm_imp)`



highlight=形質番号、で形質ごとのサークル・プロットを表示します
 #形質 10(標準条件で水耕栽培したシュートの Mg 濃度)の QTL と座間相互作用
`mqmplot.circle(test_imp, mqm_imp, highlight = 10)`

