

## R で QTL 解析

清水顕史

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) #qtl ライブラリー起動
testmap <- read.cross("csvr", file="SL-F2.csv", estimate.map=FALSE) #データ読み込
--Read the following data:
  96 individuals
  3 markers
  1 phenotypes
--Cross type: f2
```

```
summary(testmap) #交配タイプ、個体数、マーカー数、表現型数、を確認
F2 intercross

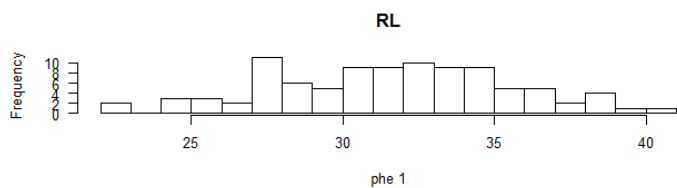
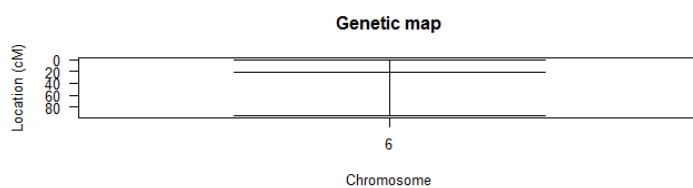
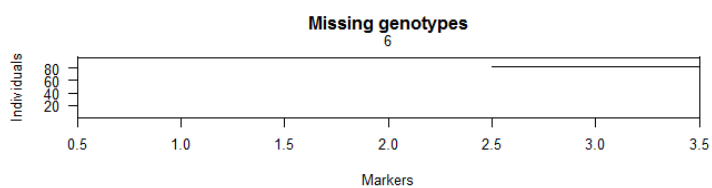
No. individuals: 96

No. phenotypes: 1
Percent phenotyped: 100

No. chromosomes: 1
Autosomes: 6

Total markers: 3
No. markers: 3
Percent genotyped: 99.7
Genotypes (%): AA:31.0 AB:48.1 BB:20.9 not BB:0.0 not AA:0.0
```

```
plot(testmap) #欠損データ、連鎖地図、各形質のヒストグラムを表示する
```



```

# single-QTL スキャン
# 連鎖地図の隣接マーカー間 (マーカー・インターバル) に着目し、QTL を検定する。
# LOD スコアが高いほど、インターバル間に QTL が存在する確率が高いとみなす。
# 以下の操作で、pheno.col=で解析する形質番号を指定する。
testmap <- calc.genoprob(testmap, step=1)      #1cM 毎に QTL 検索

#interval mapping(IM)を行う(Haley-Knott 回帰に基づく)。1 番目の形質を解析する
out.simhk <- scanone(testmap, pheno.col=1, method="hk")

#並替え検定により有意水準(pval)を推定する。
operm.hk <- scanone (testmap, n.perm=1000, method="hk")
summary(out.simhk, perms=operm.hk, alpha=0.05, pvalues=TRUE)

      chr pos  lod  pval
c6.loc14  6 14  5.17  0

#結果を図で表す
plot(out.simhk, show.marker.names=TRUE)

```

