

R 语言程序包 HalfsibMS 使用说明

王德源 童春发

2014/09/12

HalfsibMS 是用于计算平衡或不平衡数据条件下的林木多地点和单地点半同胞子代测定遗传参数的 R 语言程序包，主要针对以下两个遗传统计分析模型。

多地点模型：设有 f 个家系，布置在 s 个地点进行试验，每个地点设置 b 个区组，每小区若干个单株，可得数量性状值的统计分析模型为：

$$y_{ijkl} = \mu + S_i + SB_{ij} + F_k + SF_{ik} + SBF_{ijk} + e_{ijkl}$$

其中， y_{ijkl} 为第 i 个地点第 j 区组中第 k 个家系的第 l 个个体的数量性状观测值； μ 为总体平均值； S_i 为第 i 个地点的效应 ($i=1,2,\dots,s$)； SB_{ij} 为第 i 个地点下第 j 个区组的效应 ($j=1,2,\dots,b$)； F_k 为第 k 个家系的效应 ($k=1,2,\dots,f$)； SF_{ik} 为第 i 个地点与第 k 个家系的交互效应， SBF_{ijk} 为第 i 个地点内第 j 个区组与第 k 个家系的交互效应， e_{ijkl} 为随机误差效应 ($l=1,2,\dots,n_{ijk}$)，一般假定 $e_{ijkl} \sim N(0, \sigma_e^2)$ 。

单地点模型：设有 f 个家系，在某个地点进行试验，设置 b 个区组，每小区若干个单株，可得数量性状值的统计分析模型为：

$$y_{ijk} = \mu + B_i + BF_{ij} + e_{ijk}$$

其中， y_{ijk} 为第 i 个区组里第 j 个家系的第 k 个个体的数量性状观测值； μ 为总体平均值； B_i 为第 i 个区组的效应 ($i=1,2,\dots,b$)； BF_{ij} 为第 i 个区组里第 j 个家系的效应 ($j=1,2,\dots,f$)； e_{ijk} 为随机误差效应 ($k=1,2,\dots,n_{ij}$)，并假定 $e_{ijk} \sim N(0, \sigma_e^2)$ 。

对于以上林木多地点和单地点半同胞子代测定遗传统计分析模型，HalfsibMS 分别采用固定效应模型和随机效应模型计算相关的遗传参数。对于固定效应模型，基于约束线性模型方法，HalfsibMS 计算了亲本一般配合力及其假

设检验的统计量；对于随机效应模型，基于混合线性模型方法，给出了遗传方差分量及其假设检验统计量的计算结果，同时还计算出单株遗传力和家系遗传力以及不同性状间的遗传相关系数。

HalfSibMS 程序包使用的数据文件为 csv 格式，两种模型的输入数据文件格式可分别参示例数据文件 “ example_for_mutil_site.csv ”、和 “example_for_single_site.csv”。HalfSibMS 程序包的安装和加载方法如下：首先点击 R 语言界面中的“Packages”菜单项，在其下拉选项中选择“Install package(s) from local zip files”，在弹出窗口中找到并选中程序包压缩文件 HalfSibMS.zip，点击“打开”后便可自动安装到 R 软件上，或者在 R 语言命令窗口输入 “install.packages(“程序包文件的完整路径”,repos=NULL)” 按 “enter” 键进行安装，如 install.packages("E:/package/HalfSibMS_1.0.zip",repos=NULL)。然后再点击 R 语言 “Packages” 菜单项下的 “Load package” 选项，在弹出的窗口中选择程序包 HalfSibMS，点击 “OK” 按钮完成加载，或者在 R 语言命令窗口输入 “library(HalfSibMS)” 按 “enter” 键进行加载。需要注意的是，程序包只需要安装一次，但是每次启动 R 软件都需要加载才能使用。加载完成后，在 R 语言命令窗口输入 “HalfSibMS(“input_file”)” 按 “enter” 键将准备好的数据文件提交并开始分析计算，其中 “input_file” 代表数据文件的名称及其所在的文件路径，如 HalfSibMS(“d:/data/example_for_mutil_site.csv”)。计算完成后，结果会显示在一个新的窗口里，同时当前工作目录（可通过命令 “getwd()” 来查看）下生成计算结果文件 Result.txt。