

IASBLUP v1.3.0

用户手册

大规模遗传评估综合分析软件

开发者：蔡文涛 (Wentao Cai)

单位：中国农业科学院 (CAAS)

主页：iasbreeding.cn

联系方式：caiwentao@caas.cn

平台：Linux / macOS / Windows

目录

1. 软件简介
2. 安装与运行环境
3. 快速入门
4. 输入文件格式
 - 4.1 基因型文件
 - 4.2 系谱文件
 - 4.3 表型文件
 - 4.4 亲缘关系矩阵文件
5. 功能模块详解
 - 5.1 亲缘关系矩阵构建 (--kinship)
 - 5.2 方差组分估计 (--reml)
 - 5.3 育种值预测 (--predict)
 - 5.4 双性状分析 (--two-traits)
6. 参数完整列表
7. 输出文件说明
8. 典型分析流程
9. 方法学原理
10. 常见问题 (FAQ)
11. 引用

1. 软件简介

IASBLUP (Intelligent Agricultural Solutions of BLUP) 是一款面向大规模遗传评估的综合分析软件，支持基因组选择 (GBLUP)、系谱 BLUP (ABLUP) 和单步 BLUP (ssGBLUP) 等多种遗传评估方法。软件集成了亲缘关系矩阵构建、REML 方差组分估计和育种值 (EBV) 预测三大核心功能，适用于动植物育种中的常规遗传评估与研究分析。

核心功能

功能模块	说明
亲缘关系矩阵 (Kinship)	支持 G 矩阵、A 矩阵、 A^{-1} 矩阵、H 矩阵、 H^{-1} 矩阵的构建
REML 方差组分估计	支持稠密矩阵与稀疏矩阵、单/多组分、单/双变量 REML
育种值预测 (EBV)	支持 GBLUP、多组分预测及双性状联合预测

v1.3.0 版本新特性

- 支持稀疏矩阵 A^{-1} / H^{-1} 的 MME-based REML
- 支持 PCG + SLQ 大规模方差组分估计方法
- 支持 Low-rank 近似加速
- 支持双变量 (Bivariate) REML 与遗传相关分析
- 支持多组分方差估计与 HE 回归
- 支持性状特异性协变量设置
- 自动识别亲缘关系矩阵文件格式 (二进制/文本)

2. 安装与运行环境

系统要求

- 操作系统: Linux (推荐)、macOS、Windows
- 内存: 建议 $\geq 8\text{GB}$ (大规模数据集需更多内存)
- 依赖库: Eigen、OpenMP (多线程支持)、BLAS/LAPACK

基本用法

```
IASBLUP <模式> [选项]
```

查看帮助

```
IASBLUP --help
```

3. 快速入门

示例 1: 构建基因组亲缘关系矩阵 (G 矩阵)

```
IASBLUP --kinship --bedfile data_prefix --out G
```

示例 2: 构建系谱亲缘关系矩阵 (A 矩阵)

```
IASBLUP --kinship --pedigree ped.txt --out A
```

示例 3: 构建系谱逆矩阵 (A^{-1})

```
IASBLUP --kinship --pedigree ped.txt --Ainv --out Ainv_full
```

示例 4: 构建联合逆矩阵 (H^{-1})

```
IASBLUP --kinship --bedfile data_prefix --pedigree ped.txt --Hinv --out Hinv_full
```

示例 5: 单性状 REML 方差组分估计 (稠密矩阵)

```
IASBLUP --reml --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out uni
```

示例 6: 单性状 REML (MME 稀疏模式)

```
IASBLUP --reml --MME --kin-file Ainv_full --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out uni_mme
```

示例 7: 育种值预测

```
IASBLUP --predict --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out ebv
```

示例 8: 双性状遗传相关分析

```
IASBLUP --two-traits --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos1 2 --phe-pos2 3 --out bi
```

4. 输入文件格式

4.1 基因型文件 (PLINK 二进制格式)

使用 `--bedfile` 参数指定 PLINK 二进制文件前缀，程序将自动读取以下三个文件：

文件	说明
prefix.bed	二进制基因型数据
prefix.bim	SNP 标记信息
prefix.fam	个体信息

4.2 系谱文件

使用 `--pedigree` 参数指定，要求 3 列格式（以空格或制表符分隔）：

```
个体 ID  父亲 ID  母亲 ID
```

未知亲本用 0 表示，文件无表头行。

示例：

```
A001  S001  D001
A002  S001  D002
A003  S002  D001
A004  0     D003
```

4.3 表型文件

使用 `--phefile` 参数指定，制表符或空格分隔，第一列为个体 ID：

```
ID  Fixed1  Trait1  Trait2  Covar1  Covar2
A001  1       12.5   8.3     2       1.5
A002  2       15.2   NA      1       2.3
A003  1       NA     9.1     2       1.8
A004  2       13.8   7.6     1       2.1
```

- 支持缺失值 (NA)，程序自动过滤缺失记录。
- 使用 `--phe-pos` 指定表型所在列号（从 1 开始计数）。
- 协变量列通过 `--covar-pos`（因子型）和 `--qcovar-pos`（数值型）指定。

4.4 亲缘关系矩阵文件

IASBLUP 支持自动识别以下格式：

二进制格式（推荐，用于大规模数据）

文件	说明
prefix.bin	矩阵数据（二进制浮点数）
prefix.id	个体 ID 列表

文本格式

全矩阵文本文件（空格/制表符分隔），可带或不带 ID 行列。

5. 功能模块详解

5.1 亲缘关系矩阵构建 (--kinship)

5.1.1 G 矩阵 (基因组亲缘关系矩阵)

基于 SNP 标记数据构建基因组亲缘关系矩阵。

```
IASBLUP --kinship --bedfile data_prefix --out G
```

可选参数:

参数	说明	默认值
--kin-method <int>	G 矩阵构建方法	1
--kin-lambda <number>	Lambda 加权参数	1.0
--block-size <int>	SNP 分块大小 (0=自动)	0
--threads <int>	并行线程数	1
--kin-bin	以 GCTA 二进制格式输出	否
--also-text	同时输出文本格式	否

5.1.2 A 矩阵 (系谱亲缘关系矩阵)

基于系谱数据构建加性遗传关系矩阵。

```
IASBLUP --kinship --pedigree ped.txt --out A
```

5.1.3 A^{-1} 矩阵 (系谱关系逆矩阵)

直接从系谱构建稀疏 A^{-1} 矩阵, 适用于 MME-based REML。

```
IASBLUP --kinship --pedigree ped.txt --Ainv --out Ainv_full
```

输出格式: 稀疏二进制格式 (prefix.bin + prefix.id)

5.1.4 H 矩阵 (联合亲缘关系矩阵)

结合系谱和基因组信息构建 H 矩阵 (单步法)。

```
IASBLUP --kinship --bedfile data_prefix --pedigree ped.txt --out H
```

调节参数:

参数	说明	默认值
--kin-tau <number>	G_{22} 的缩放因子 τ	1.0
--kin-omega <number>	A_{22} 的缩放因子 ω	1.0

5.1.5 H^{-1} 矩阵 (联合关系逆矩阵)

构建稀疏 H^{-1} 矩阵, 适用于大规模单步 BLUP 评估。

```
IASBLUP --kinship --bedfile data_prefix --pedigree ped.txt --Hinv --out Hinv_full
```

注意: 此模式同时需要基因型文件和系谱文件。

5.2 方差组分估计 (--reml)

IASBLUP 提供多种 REML 方法以适应不同规模的数据集。

5.2.1 基于稠密矩阵的单组分 REML

```
IASBLUP --reml --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out uni
```

方差估计方法选择 (--var-method)

方法	代号	适用场景	说明
Direct	1	$n < 2,000$	直接矩阵求逆, 精确但慢
Eigen	2	$n < 10,000$	特征值分解, 中等规模
Cholesky	3	$n < 10,000$	Cholesky 分解, 稳定高效
Low-rank	4	$n < 50,000$	低秩近似, 适合大规模
PCG+SLQ (默认)	5	$n > 10,000$	PCG 迭代+随机迹估计, 最适合大规模

使用示例:

```
# 使用特征值分解方法
IASBLUP --reml --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 \
  --var-method eigen --out uni

# 使用低秩近似方法 (自定义参数)
IASBLUP --reml --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 \
  --var-method lowrank --lowrank-ratio 0.95 --lowrank-maxrank 800 --out uni
```

Low-rank 方法专用参数

参数	说明	默认值	建议范围
--lowrank-ratio <num>	目标方差解释比例	0.95	0.90 ~ 0.99
--lowrank-maxrank <int>	最大保留秩	800	50 ~ 2000

5.2.2 基于稀疏矩阵的 MME-REML

当使用系谱逆矩阵 A^{-1} 或联合逆矩阵 H^{-1} 时，采用 MME 框架下的 AI-REML。

```
IASBLUP --reml --MME --kin-file Ainv_full --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out mme_uni
```

MME-REML 专用参数：

参数	说明	默认值
--MME	启用 MME 模式	否
--normalize	对 A^{-1}/H^{-1} 进行 Hutchinson 标准化	否
--no-hutch	即使设置了 --normalize 也跳过 Hutchinson 标准化	否
--hutch-score <int>	AI/Score 估计中 Hutchinson 探针数量	48
--step0 <num>	初始线搜索步长	1.0

带协变量的 MME-REML 完整示例：

```
IASBLUP --reml --MME --kin-file Ainv_full \  
  --phefile pheno.txt --phe-pos 2 \  
  --covar-pos 3,4 --qcovar-pos 5 \  
  --normalize --hutch-score 80 \  
  --max-iter 50 --out mme_uni
```

5.2.3 多组分 REML

支持多个亲缘关系矩阵的方差组分联合估计（如加性+显性）。

```
IASBLUP --reml --multi-kins G_add.bin,G_dom.bin \  
  --component-names Additive,Dominance \  
  --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out multi
```

参数	说明
--multi-kins <files>	多个亲缘关系矩阵文件，逗号分隔（≥2 个）
--component-names <names>	组分名称，逗号分隔（可选）

5.2.4 HE 回归法

作为 REML 的替代方法，Haseman-Elston 回归提供快速、稳健的方差组分估计。

```
IASBLUP --reml --he --multi-kins G1.bin,G2.bin \  
--phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out he_result
```

参数	说明	默认值
--he 或 --he-regression	使用 HE 回归替代 REML	否
--he-max-pairs <int>	HE 回归最大配对数	100,000

5.2.5 协变量设置

IASBLUP 支持两类协变量：

参数	类型	说明
--covar-pos <list>	因子型	分类变量（如性别、场效应），自动哑变量编码
--qcovar-pos <list>	数值型	连续变量（如体重、年龄），直接纳入模型

多列使用逗号分隔：

```
--covar-pos 3,4 --qcovar-pos 5,6
```

5.3 育种值预测 (--predict)

5.3.1 标准预测流程

先估计方差组分，再预测所有个体的育种值：

```
IASBLUP --predict --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out ebv
```

5.3.2 使用已知遗传力预测

跳过 REML 估计，直接使用给定的遗传力值：

```
IASBLUP --predict --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 --h2 0.35 --out ebv
```

参数	说明	范围
--h2 <number>	直接输入遗传力，跳过 REML 估计	0.0 ~ 1.0

注意： --h2 仅适用于 --predict 模式的单组分分析。

5.3.3 多组分育种值预测

```
IASBLUP --predict --multi-kins G_add.bin,G_dom.bin \  
--component-names Additive,Dominance \  
--phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out multi_ebv
```

多组分预测将分别估计各组分的方差贡献，并输出各组分对应的随机效应。

5.3.4 预测输出

预测完成后，程序将输出：

- 固定效应估计值及其标准误和 ANOVA 表
- 育种值 (EBV)：包括有表型和无表型个体的预测值
- 输出文件：prefix.random.txt

5.4 双性状分析 (--two-traits)

5.4.1 稠密矩阵双变量 REML

```
IASBLUP --two-traits --kin-file G.bin --phefile pheno.txt \  
--phe-pos1 2 --phe-pos2 3 --out bi
```

5.4.2 稀疏矩阵 (MME) 双变量 REML

```
IASBLUP --two-traits --MME --kin-file Ainv_full \  
--phefile pheno.txt --phe-pos1 2 --phe-pos2 3 \  
--normalize --out bi_mme
```

5.4.3 性状特异性协变量

双变量分析支持为两个性状分别指定不同的协变量：

参数	说明
--covar-pos1 <list>	性状 1 的因子型协变量列
--covar-pos2 <list>	性状 2 的因子型协变量列
--qcovar-pos1 <list>	性状 1 的数值型协变量列
--qcovar-pos2 <list>	性状 2 的数值型协变量列

完整示例：

```
IASBLUP --two-traits --MME --kin-file Ainv_full \  
--phefile pheno.txt --phe-pos1 2 --phe-pos2 3 \  
--covar-pos1 4,5 --covar-pos2 4,6 \  
--qcovar-pos1 7 --qcovar-pos2 7,8 \  
--normalize --hutch-score 80 \  
--out bi_mme --predict
```

向后兼容： 如果仅使用 --covar-pos / --qcovar-pos (不带 1/2 后缀) ，则自动应用于两个性状。

5.4.4 双性状联合预测

在双变量 REML 后面添加 --predict 即可同时输出两个性状的育种值：

```
IASBLUP --two-traits --kin-file G.bin --phefile pheno.txt \  
--phe-pos1 2 --phe-pos2 3 --out bi --predict
```

5.4.5 双性状分析输出

估计量	说明
Var(G_trait1)	性状 1 的加性遗传方差
Var(G_trait2)	性状 2 的加性遗传方差
Cov(G_12)	加性遗传协方差
Var(E_trait1)	性状 1 的残差方差
Var(E_trait2)	性状 2 的残差方差
Cov(E_12)	残差协方差
$h^2(\text{Trait 1})$	性状 1 的遗传力
$h^2(\text{Trait 2})$	性状 2 的遗传力
rG	遗传相关
rE	残差相关
rP	表型相关

所有估计量均附带标准误 (SE)。

6. 参数完整列表

模式选择

参数	说明
--kinship	构建亲缘关系矩阵
--reml	REML 方差组分估计
--predict	育种值预测
--two-traits	双性状分析
--help	显示帮助信息

输入文件

参数	说明
--bedfile <prefix>	PLINK 二进制基因型文件前缀
--pedigree <file>	系谱文件 (3 列: ID Sire Dam)
--phefile <file>	表型文件
--kin-file <file>	亲缘关系矩阵文件 (前缀或路径)
--multi-kins <files>	多个亲缘关系矩阵文件 (逗号分隔)

表型与协变量

参数	说明
--phe-pos <int>	表型列位置 (1-based)
--phe-pos1 <int>	性状 1 列位置 (双变量模式)
--phe-pos2 <int>	性状 2 列位置 (双变量模式)
--covar-pos <list>	因子型协变量列 (逗号分隔)
--qcovar-pos <list>	数值型协变量列 (逗号分隔)
--covar-pos1 <list>	性状 1 因子型协变量 (双变量)
--covar-pos2 <list>	性状 2 因子型协变量 (双变量)
--qcovar-pos1 <list>	性状 1 数值型协变量 (双变量)
--qcovar-pos2 <list>	性状 2 数值型协变量 (双变量)

亲缘关系矩阵参数

参数	说明	默认值
--Ainv	构建系谱逆矩阵（稀疏）	-
--Hinv	构建联合逆矩阵（稀疏）	-
--kin-method <int>	G 矩阵构建方法	1
--kin-lambda <number>	G 矩阵 Lambda 参数	1.0
--kin-tau <number>	H/H ⁻¹ 中 G ₂₂ 的缩放因子 τ	1.0
--kin-omega <number>	H/H ⁻¹ 中 A ₂₂ 的缩放因子 ω	1.0
--block-size <int>	SNP 分块大小 (0=自动)	0
--kin-bin	以 GCTA 二进制格式输出	-
--also-text	同时导出文本格式	-

REML 参数

参数	说明	默认值
--var-method <method>	方差估计方法 (1-5)	5 (PCG+SLQ)
--max-iter <int>	REML 最大迭代次数	30
--h2 <number>	直接输入遗传力 (仅 --predict 模式)	-
--lowrank-ratio <num>	Low-rank 目标方差比例	0.95
--lowrank-maxrank <int>	Low-rank 最大秩	800
--he / --he-regression	使用 HE 回归	-
--he-max-pairs <int>	HE 回归最大配对数	100,000
--component-names <str>	多组分名称 (逗号分隔)	G1,G2,...

MME / 稀疏矩阵参数

参数	说明	默认值
--MME	启用 MME 模式 (稀疏逆矩阵)	-

--normalize	Hutchinson 标准化 A^{-1}/H^{-1}	-
--no-hutch	跳过 Hutchinson 标准化	-
--hutch-score <int>	Hutchinson 探针数	48
--step0 <num>	初始线搜索步长	1.0

通用参数

参数	说明	默认值
--threads <int>	CPU 并行线程数	1
--out <prefix>	输出文件前缀	Results

7. 输出文件说明

7.1 亲缘关系矩阵输出

稠密矩阵

文件	说明
prefix.bin	矩阵数据 (二进制浮点)
prefix.id	个体 ID 列表
prefix.txt (可选)	文本格式矩阵

稀疏逆矩阵 (A^{-1} / H^{-1})

文件	说明
prefix.bin	稀疏矩阵数据 (二进制)
prefix.id	个体 ID 列表

7.2 REML 输出

文件	说明
prefix.log	完整分析日志 (含迭代过程、方差组分、遗传力等)

日志文件包含以下关键信息:

- 迭代过程中各参数的变化
- 最终方差组分估计值及标准误
- 遗传力估计值及标准误
- (双性状模式) 遗传相关、残差相关、表型相关

7.3 育种值预测输出

文件	说明
prefix.random.txt	所有个体的育种值 (ID + EBV)

prefix.ebv	育种值文件 (MME 模式)
prefix.sol	固定效应解及 ANOVA 表
prefix.log	分析日志

EBV 文件格式 (单性状)

```
ID  EBV
A001  0.5234
A002  -0.3127
A003  0.1893
```

EBV 文件格式 (双性状)

```
ID  EBV_T1  EBV_T2
A001  0.5234  0.3891
A002  -0.3127  0.1456
A003  0.1893  -0.2345
```

8. 典型分析流程

流程 1: 基因组选择 (GBLUP)

```
# Step 1: 构建 G 矩阵
IASBLUP --kinship --bedfile geno --threads 4 --out G

# Step 2: REML 方差组分估计
IASBLUP --reml --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 \
  --covar-pos 3,4 --qcovar-pos 5 --var-method 5 --out reml_result

# Step 3: 育种值预测
IASBLUP --predict --kin-file G.bin --phefile pheno.txt --phe-pos 2 \
  --covar-pos 3,4 --qcovar-pos 5 --out ebv_result
```

流程 2: 单步 BLUP (ssGBLUP)

```
# Step 1: 构建  $H^{-1}$  矩阵
IASBLUP --kinship --bedfile geno --pedigree ped.txt --Hinv \
  --kin-tau 1.0 --kin-omega 1.0 --threads 4 --out Hinv

# Step 2: MME-based REML
IASBLUP --reml --MME --kin-file Hinv --phefile pheno.txt --phe-pos 2 \
  --covar-pos 3,4 --normalize --hutch-score 80 --out ssGBLUP

# Step 3: BLUP 预测 (添加 --predict 标记)
IASBLUP --reml --MME --kin-file Hinv --phefile pheno.txt --phe-pos 2 \
  --covar-pos 3,4 --normalize --predict --out ssGBLUP
```

流程 3: 双性状遗传相关分析

```
# 构建 G 矩阵
IASBLUP --kinship --bedfile geno --threads 4 --out G

# 双性状 REML + 预测
IASBLUP --two-traits --kin-file G.bin --phefile pheno.txt \
  --phe-pos1 2 --phe-pos2 3 \
  --covar-pos1 4,5 --covar-pos2 4,6 \
```

```
--qcovar-pos1 7 --qcovar-pos2 7,8 \  
--max-iter 200 --out bivar --predict
```

流程 4: 多组分方差估计

```
# 多组分 REML  
IASBLUP --reml --multi-kins G_add.bin,G_dom.bin \  
--component-names Additive,Dominance \  
--phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out multi_var  
  
# 多组分预测  
IASBLUP --predict --multi-kins G_add.bin,G_dom.bin \  
--component-names Additive,Dominance \  
--phefile pheno.txt --phe-pos 2 --out multi_ebv
```

9. 方法学原理

9.1 G 矩阵构建

基于 VanRaden (2008) 方法 1:

$$G = ZZ' / 2\sum p_i(1-p_i)$$

其中 Z 为中心化标准化的基因型矩阵, p_i 为第 i 个 SNP 的等位基因频率。

9.2 REML 方差组分估计

基于混合线性模型:

$$y = X\beta + Zu + e$$

其中:

- y: 表型向量
- X: 固定效应设计矩阵
- β : 固定效应
- Z: 随机效应关联矩阵
- $u \sim N(0, G\sigma^2_a)$: 加性遗传效应
- $e \sim N(0, I\sigma^2_e)$: 残差效应

REML 通过 AI 算法 (Average Information) 迭代估计方差组分 σ^2_a 和 σ^2_e 。

9.3 方差估计方法比较

方法	时间复杂度	空间复杂度	精度	适用规模
Direct	$O(n^3)$	$O(n^2)$	精确	$n < 2K$
Eigen	$O(n^3)$	$O(n^2)$	精确	$n < 10K$
Cholesky	$O(n^3)$	$O(n^2)$	精确	$n < 10K$
Low-rank	$O(nk^2)$	$O(nk)$	近似	$n < 50K$
PCG+SLQ	$O(n^2)$ per iter	$O(n^2)$	近似	$n > 10K$

推荐: 对于 $n > 10,000$ 的数据集, 默认使用 PCG+SLQ 方法。

9.4 MME-based REML

对于稀疏逆矩阵 (A^{-1} 或 H^{-1}), 采用混合模型方程 (MME) 框架。AI-REML 迭代中通过 Hutchinson 随机迹估计器近似求解 Score 向量和 AI 矩阵。

9.5 双变量模型

双变量模型同时分析两个性状, 估计遗传协方差矩阵 G_0 和残差协方差矩阵 R_0 。

遗传相关计算公式:

$$r_G = \sigma_{g12} / \sqrt{(\sigma^2_{g1} \times \sigma^2_{g2})}$$

10. 常见问题 (FAQ)

Q1: 如何选择合适的 --var-method?

数据规模 (n)	推荐方法
< 2,000	Direct (1) 或 Eigen (2)
2,000 ~ 10,000	Cholesky (3) 或 Eigen (2)
10,000 ~ 50,000	Low-rank (4) 或 PCG+SLQ (5)
> 50,000	PCG+SLQ (5) (默认)

Q2: 什么时候使用 --MME 模式?

当使用稀疏逆矩阵 (A^{-1} 或 H^{-1}) 时必须使用 --MME 模式。此模式特别适合: (1) 大规模系谱数据 (数万至数十万个体); (2) 单步 BLUP 评估 (ssGBLUP); (3) 非基因分型个体也需要获得育种值的场景。

Q3: --normalize 的作用是什么?

对 A^{-1} 或 H^{-1} 矩阵按 $\text{mean}(\text{diag}(A))$ 进行归一化, 通过 Hutchinson 随机迹估计器近似计算。这有助于改善 REML 的收敛性和数值稳定性。

Q4: 表型文件中有缺失值怎么办?

程序自动过滤含缺失值 (NA) 的记录。在双变量分析中, 两个性状分别处理缺失值, 允许性状间有不同的有效记录。

Q5: 如何加速大规模分析?

(1) 多线程: 使用 --threads 增加并行线程数; (2) 分块计算: G 矩阵构建时使用 --block-size 控制内存使用; (3) 方法选择: 大规模数据使用 PCG+SLQ (--var-method 5); (4) 稀疏矩阵: 大量个体时使用 --MME 模式配合 A^{-1}/H^{-1} 。

Q6: REML 不收敛怎么办?

(1) 增加最大迭代次数: --max-iter 100; (2) 调整初始步长: --step0 0.5; (3) 增加 Hutchinson 探针数: --hutch-score 100 (MME 模式); (4) 检查数据质量: 确保表型无异常值、亲缘关系矩阵正定。

Q7: Low-rank 方法参数如何调优?

(1) --lowrank-ratio 0.95: 保留 95% 方差信息, 适合大多数情况; (2) --lowrank-ratio 0.99: 更高精度, 计算量增加; (3) --lowrank-maxrank: 通常不需要超过 1000, 取决于样本量和群体结构。

11. 引用

如果您使用了 IASBLUP 软件，请引用：

*Cai, W.T. IASBLUP: An integrated software for large-scale genetic evaluation.
iasbreeding.cn*

相关文献

1. VanRaden, P.M. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Science*, 91(11), 4414-4423.
2. Henderson, C.R. (1984). *Applications of Linear Models in Animal Breeding*.
3. Aguilar, I. et al. (2010). Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*, 93(2), 743-752.
4. Misztal, I. et al. (2009). Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Science*, 92(9), 4648-4655.