

Plink

Na klasteru je dostupan programski paket PLINK. Informacije o samom programu mogu se pronaći na [službenoj stranici](#).

Korištenje

Dostupne verzije i pripadajući moduli:

Verzija	Modul
1.9	bioinfo/plink/1.9

Podatke za primjer moguće je preuzeti na <https://zzz.bwh.harvard.edu/plink/tutorial.shtml>

Ako se koristi više od jedne dretve, potrebno je koristiti neku pod mpisingle okolina pošto plink nema mogućnost korištenja više radnih čvorova, u tom slučaju potrebno je voditi računa da je broj traženih jezgara jednak broju korištenih. U slijedećem primjeru to se kontrolira koristeći varijablu \$NSLOTS.

Primjer pokretanja

```
#!/bin/bash/
#$ -N test_plink
#$ -cwd
#$ -pe *mpisingle 5
module load plink/1.9

plink --file hapmap1 --threads $NSLOTS
plink --file hapmap1 --make-bed --out hapmap1 --threads $NSLOTS
plink --file hapmap1 --make-bed --mind 0.05 --out highgeno --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --missing --out miss_stat --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --chr 1 --out res1 --missing --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --chr 2 --out res2 --missing --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --freq --out freq_stat --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --freq --within pop.phe --out freq_stat --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --snp rs1891905 --freq --within pop.phe --out snp1_frq_stat --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --assoc --out as1 --threads $NSLOTS
sort --key=7 -nr as1.assoc | head
plink --bfile hapmap1 --assoc --adjust --out as2 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --pheno pop.phe --assoc --adjust --out as3 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --model --snp rs2222162 --out mod1 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --model --cell 0 --snp rs2222162 --out mod2 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --cluster --mc 2 --ppc 0.05 --out str1 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --mh --within str1.cluster2 --adjust --out aac1 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --cluster --cc --ppc 0.01 --out version2 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --mh --within version2.cluster2 --adjust --out aac2 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --cluster --K 2 --out version3 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --mh --within pop.phe --adjust --out aac3 --threads $NSLOTS
plink --bfile hapmap1 --cluster --matrix --out ibd_view --threads $NSLOTS
```