

Gemma

Opis

GEMMA je softver koji implementira Genome Efficient Mixed Model Association algoritam za standardni linearni mješoviti model i neke od njegovih bliskih srodnika za cijeli genom asocijacijske studije (GWAS). Odgovara univarijantnom linearnom mješovitom modelu (LMM) za pridruživanje markera testovi s jednim fenotipom kako bi se uzela u obzir stratifikacija populacije i struktura uzorka, i za procjenu udjela varijance u fenotipovima objašnjenim (PVE) tipiziranim genotipovima (tj. "chip heritability"). Odgovara multivarijantnom linearnom mješovitom modelu (mvLMM) za testiranje markera kao- asocijacije s više fenotipova istovremeno uz kontrolu stratifikacije stanovništva, i za procjenu genetskih korelacija među složenim fenotipovima. Odgovara Bayesovom razrjeđivanju linearni mješoviti model (BSLMM) koji koristi Markovljev lanac Monte Carlo (MCMC) za procjenu PVE pomoću tipizirani genotipovi, predviđanje fenotipova i identificiranje povezanih markera zajedničkim modeliranjem svih markera uz kontrolu strukture populacije. Odgovara HE, REML i MQS za usklađivanje odstupanja procjena komponenata korištenjem podataka na pojedinačnoj razini ili sumarne statistike. Računski je učinkovit za GWAS velikih razmjera i koristi besplatno dostupne numeričke biblioteke otvorenog koda.

Dostupne verzije

Verzija	Modul	Supek	Padobran
0.98.5	scientific/Gemma/0.98.5	✗	✓

Primjer korištenja



Gemma aplikacija koristi jednu dretvu(single-threaded), ukoliko su podaci veći, može koristiti i do 20 GB RAM-a.

- Primjer je napravljen prema: <https://github.com/genetics-statistics/GEMMA/tree/master/example>
- Dokumentacija: <https://www.xzlab.org/software/GEMMAmanual.pdf>

gemma.pbs

```
#!/bin/bash

#PBS -N gemma-test
#PBS -l select=1:mem=10GB
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/Gemma/0.98.5

gemma -g mouse_hs1940.geno.txt.gz -p mouse_hs1940.pheno.txt -n 2 -a
mouse_hs1940.anno.txt -bslmm -o mouse_hs1940_CD8_bslmm -w 1000 -s 10000 -
seed 1
```