

Plink

Opis

PLINK je besplatni set alata otvorenog koda za analizu asocijacija cijelog genoma, dizajniran za izvođenje niza osnovnih analiza velikih razmjera na računalno učinkovit način.

Fokus PLINK-a isključivo je na analizi podataka o genotipu/fenotipu, tako da nema podrške za korake koji prethode ovome (npr. dizajn i planiranje studije, generiranje genotipa ili CNV poziva iz neobrađenih podataka). Putem integracije s gPLINK-om i Haploviewom, postoji određena podrška za kasniju vizualizaciju, označavanje i pohranu rezultata. PLINK (jedan slog) razvija Shaun Purcell dok radi u Centru za ljudska genetička istraživanja (CHGR), Općoj bolnici Massachusetts (MGH) i Broad institutu Harvarda i MIT-a, uz podršku drugih.

Dostupne verzije

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

Primjer korištenja

- Primjer i podaci: <https://zzz.bwh.harvard.edu/plink/tutorial.shtml>



Potrebno je odrediti količinu memorije, jer plink zadano detektira količinu dostupnog RAM-a i rezervira pola. Količinu je potrebno u megabajtima napisati.

plink.pbs

```
#!/bin/bash

#PBS -N plink-test
#PBS -l select=1:ncpus=4:mem=10GB
#PBS -q cpu

cd $PBS_O_WORKDIR

module load scientific/Plink/1.9

plink --file hapmap1 --threads $NCPUS --memory 10000
```