Point sur la liste des fichiers

|  |  |
| --- | --- |
| Phenotype | Obtenu par scritp/[]anat\_gpu[]/4postproces/exporttocsv.py  Symlink de snp122664\_peak vers rs13107325\_peak.phe  Fichier 6 colonnes (names 0 a 5) |
| Covariance | 3 fichiers : attention pour plink in ne faut que les var catégorielles soient dépliées sur n-1 colonnes pour n niveaux !  covarGender.cov  covarGenderPds.cov  covarGenderSitePds.cov pour toutes les covar. [**c’est ce dernier modele qui a fonctionné dans le run GPU**] |
| Genotype | L’extractio na été faite sur le fichiers qc\_sub\_ac\_gen\_all\_snps\_common\_autosome (a priori copie conforme sur la zone de l’original de /neurospin/genetics/qc  Le fichier est lu et seul le snp rs13107325 est chargé.  Pour accelerer le processus je cree rs13107325\_noNAN.ped/map Dans ce fichier les données ont imputées médiane comme dans le run – *verification faite à la main sur les données qui ont été utilisée dans le run (sigh !*).  Il faut contrôler l’effet de l’imputation (en effet il s’agit d’un snp rare et l’imputation mediane pourrait etre inadaptée ) : la forme éditable permet de faire cela plus facilement actuellement. |
| Liste de sujet | La liste de sujet récupérée depuis les codes Jinpeng. L’ordre n’importe pas car dans plink un réordonnacement est effectuée systematiquement.   * Sorted\_subject\_listNonNAN.csv 1292 sujets. Comme dans le reun GPU * Sorted\_subject\_list.csv : 1284 sujets (8 en moins). Supprime les imputés éventuellement erronés. |

Resultats du modele genetique DOMINANT avec modele complet incluant soit le genre soit **genre+pds** soit **genre+pds+site**