

# Como preparar un metanálisis de los modelos de plink

## Corriendo los modelos

Para sacar el análisis de modelos que está implementado en plink se ejecuta algo como

```
$ plink plink --bfile archivo --model --allow-no-sex --out archivo
```

Esto deja el resultado en un archivo llamado *archivo.model*. Como aquí el objetivo final es un meta-análisis vamos a ahcerlo para todas las DB del Variomics,

```
$ for x in `ls ../Variomics/*.bed`; do plink --bfile ${x%.bed} --model --allow-no-sex --out $(basename ${x%.bed}); done
```

Esto deja una serie de archivos de resultado,

```
[osotolongo@detritus models]$ ls -lah *.model
-rw-rw-r-- 1 osotolongo osotolongo 479M May 15 13:18 ADMURimpQC2.model
-rw-rw-r-- 1 osotolongo osotolongo 831M May 15 13:20 ADNIimpQC2.model
-rw-rw-r-- 1 osotolongo osotolongo 692M May 15 13:22 GenADA_impQC2.model
-rw-rw-r-- 1 osotolongo osotolongo 805M May 15 13:25 NIA_AD_impQC2.model
-rw-rw-r-- 1 osotolongo osotolongo 597M May 15 13:26 TGEN_impQC2.model
```

From:

<http://detritus.fundacioace.com/wiki/> - Detritus Wiki

Permanent link:

[http://detritus.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=genetica:preproc\\_models&rev=1368617906](http://detritus.fundacioace.com/wiki/doku.php?id=genetica:preproc_models&rev=1368617906)

Last update: **2020/08/04 10:48**

