

Bioinformatyka CWICZENIE 9

1. Przypomnienie zasad analizy asocjacyjnej (model, hipotezy, test).
2. Omówienie programu SAS przeznaczonego do przeprowadzenia analizy asocjacyjnej.
3. Samodzielne przygotowanie programu w SAS.
4. Analiza wyników w oknie Output + w wygenerowanym przy pomocy komendy "file ..." pliku.

Wzór programu:

```
/* czytanie danych */
/* Wczytanie pliku */
data B;
  infile "...." missover dsd delimiter=";" ;
  input ID SIRE $ DAM $ WEIGHT $ L1A1 L1A2 ... ;
  * kodowanie genotypów SNP ;
  if L1A1=1 and L1A2=1 then L1=-1 ;
  else if L1A1=2 and L1A2=2 then L1=1 ;
  else L1=0 ;
[kontynuować dla wszystkich markerów]
run ;

/* dopasowanie modeli */
proc mixed data=ALL method=ML ic noclprint ;
  title 'locus 1' ;
  model Y = L1 ;
  ods output InfoCrit=L ;
run;
data _null_ ;
  set L ;
  file '...' mod ;
  LIK=-0.5*Neg2LogLike ;
  put @1 "1"
      @4 LIK 10.4
      @16 AIC ;
run ;

proc mixed data=ALL method=ML ic noclprint ;
  title 'locus 2' ;
  model Y = L2 ;
  ods output InfoCrit=L ;
run;
data _null_ ;
  set L ;
  file '...' mod ;
  LIK=-0.5*Neg2LogLike ;
  put @1 "2"
      @4 LIK 10.4
      @16 AIC ;
run ;
```