

GABayes

Description du programme Bayes C Pi

Compilation

Utilisation de l'outil cmake pour générer le makefile.

1) créer un répertoire Build dans le répertoire du programme

```
> mkdir build
```

2) générer le makefile

```
> cmake -DCMAKE_Fortran_COMPILER=ifort -DCMAKE_BUILD_TYPE=Release ../
```

ou pour utiliser gfortran

```
> cmake -DCMAKE_Fortran_COMPILER=gfortran -DCMAKE_BUILD_TYPE=Release ../
```

3) compilation du programme

```
> make
```

L'exécutable est généré dans le répertoire build.

Execution du programme

Format d'entrée : il y a 2 possibilités :

1) même format qu'accepte le script R du Bayes C : 1 fichier contenant les lignes suivantes,

```
<ID> <PERF real > <SEXE 1|2> <MARK1 -1|0|1>
```

2) format qtlmap :

1. fichier de phenotype : <ID> <PERF real>

2. fichier de gentype : <ID> <MARK1 AL1 1|2 > <MARK1 AL1 1|2>....

les fichiers exemple se trouvent dans le répertoire sample

exécution du programme : gabayes <fichier_parametre> <v>

```
>$GABAYESDIR/build/gabayes p_analyse
```

pour avoir un détail (estimation à chaque cycle)

```
>$GABAYESDIR/build/gabayes p_analyse v
```

p_analyse est un fichier paramètres ou plusieurs clés peuvent être définies.

in_numanim	Nombre d'animaux
in_nummark	Nombre de marqueurs

in_pheno_and_genotype	Fichier de performance et de typage (Format 1)
in_trait	Fichier de performance (Format 1)
in_genotype	Fichier de genotype (Format 2)
out_output	Fichier de sortie resultat
in_unknown_char=4	Typage inconnu
in_vara=0.10	Variance genetique total initiale
in_vare=0.90	Variance residuelle initiale
in_pi=0.5	Valeur de Pi initiale
in_nubeta=4	Value de nubeta
in_numberchain=4	Nombre de Chain a exécuter en parallèle
in_chainlength=40	Longueur de la chaine
in_numcycle=1	Pas de recolte des valeurs à estimer
in_burnin=20	Nombre de cycle de chauffe...

Description des modules

Les sources se trouvent dans le répertoire src. Il y a 4 modules et un programme principale

- main.f95 : programme principale exécutant plusieurs processus (nombre de chaine)
- mod_struct.f95 : module contenant les constantes et les structures de données du programme
- mod_lecture.f95 : routines pour la lecture des données
- mod_random.f95 : routine pour la génération aléatoire dans des loi normales,chi-2 et beta
- mod_calcul.f95 : algorithme du bayes C pi

Structure de données

Type DATASET

Description du jeu de donnees

- na : nombre d animaux
- nmk : nombre de marqueurs
- y : vecteur des performances (dimension : na)
- x : vecteur de typage 0 pour aa 1 pour Aa 2 pour AA (dimension : na,nmk)

Type Solution

Description de l'estimation / solution

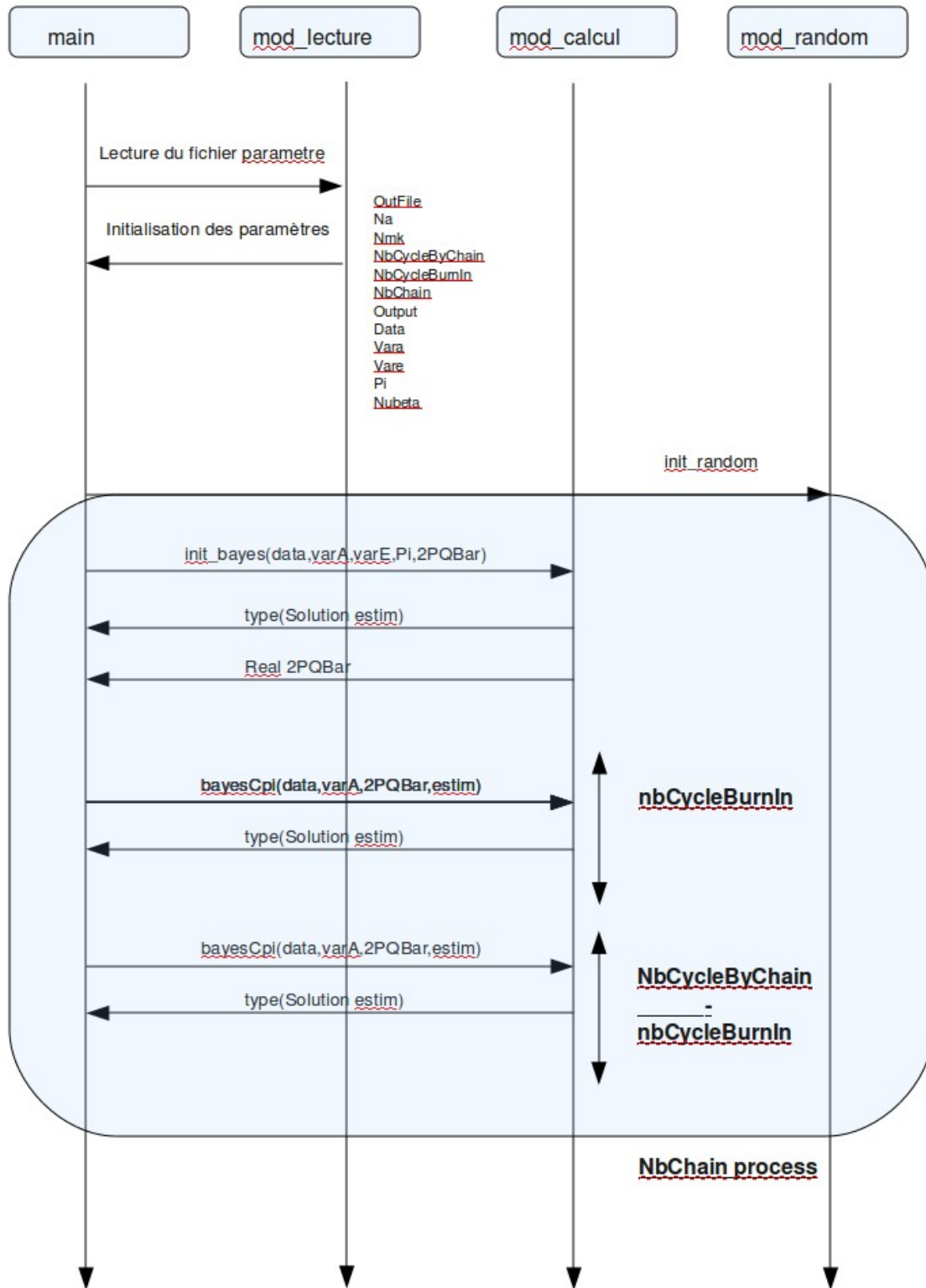
- μ : moyenne generale
- β : vecteur des effets (dimension : $n \times m \times k$)
- σ^2 : variance residuelle
- σ^2_{β} : variance des effets SNP
- π : π
- $n_{\text{bloc } i}$: nombre de locus pris en compte (somme des $\text{delat } i$)

Type DistributionParameter

Stockage des solutions.

- N_b : nombre de points
- allVare : liste des variances residuelles.
- AllVarbeta : liste des variances genetiques
- allPi : liste des valeurs de π

Workflow du programme



Fichier de sortie (out_output)

Affichage de la moyennes et de la variances des paramètres varE , varBeta , Pi