Get_MR2.0

写在前面

欢迎来到向量化与并行化的世界！本次更新就一个重大功能，就是并行化运行mr分析，以最优的效率批量跑大量的数据。家用电脑较新服务器基本可以实现2小时批量运行10000个因素，如果你有高性能服务器，恭喜你，30分钟以内就能跑完。

由于本次主要是思路与方法的分享，所以函数的帮助文档写的不多，主要还是看示例代码即可，应该还是很容易上手的。

公众号回复：“示例”即得示例代码

cyclemr

描述

这个函数是用于执行循环Mendelian Randomization (CycleMR) 分析的功能函数，可以在R语言中使用。该函数可以将数据分配到多个计算节点中运行，提高MR分析的效率。

用法

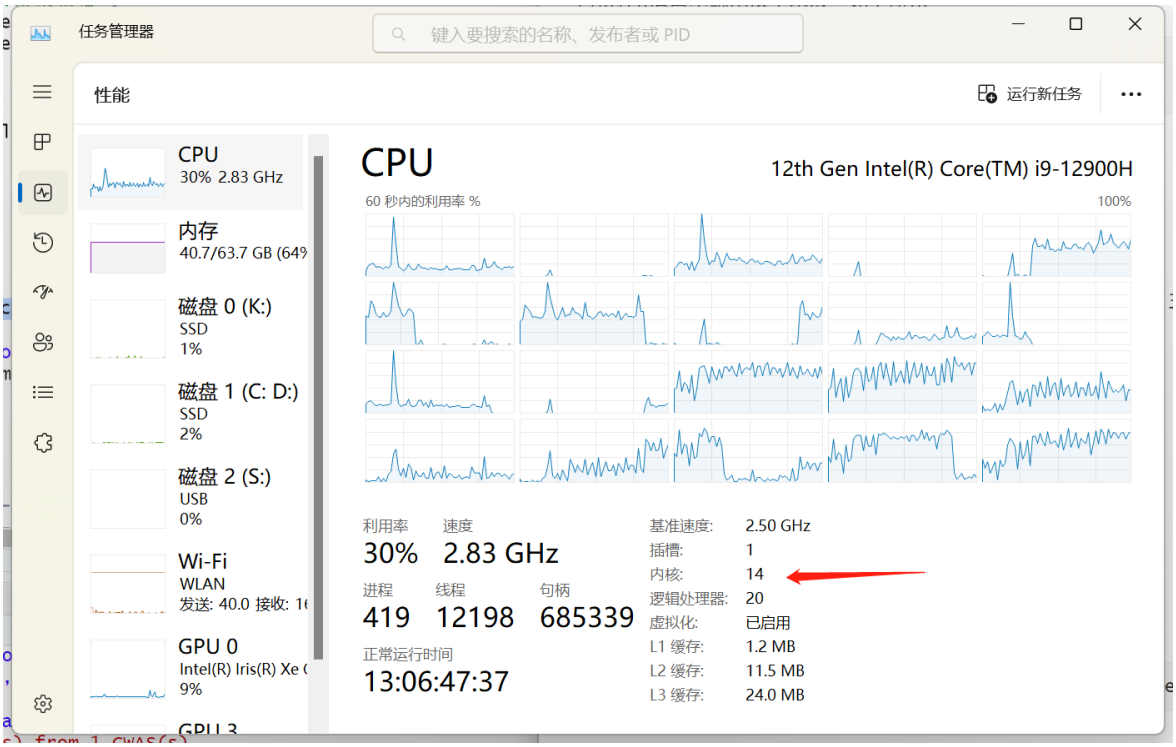
直接在R语言中调用这个函数，如下所示：

```
# 调用cyclemr函数
mr_results <- cyclemr(dat = data, cl_num = 4, type = "list")
```

参数

- `dat`: harmonise_data后的数据，可以是数据框或列表类型。默认是list
- `cl_num`: 批量化线程数。
- `type`: MR分析数据类型，可以是"list"或"data"，默认为"list"。主要使用情况也是list

> 注： 如何判断自己的电脑能开启的最大线程数?



在任务管理器可看到

- 内核： 计算机核心数
- 逻辑处理器： 计算机总线程数

  比如说很多处理器宣传是8核16线程，这个8就指的是内核，这个16指的是逻辑处理器。

  本质上，16只是将每个核心一分为2，但是他们能干的活是一样的。所以一般设置为内核数即可满载CPU

  当然这不能一概而论，因为每个CPU和厂家调度不一样，如果你发现使用内核数不能让CPU跑到100%，则尝试用逻辑处理器数

返回值

- `cyclemr`函数返回一个包含MR分析结果的数据框。

使用举例

下面是使用这个函数的一个示例：

```
mr_results <- cyclemr(dat = data, cl_num = 16, type = "list")
```

运行时间参考

在设置无误情况下，这是我手头有的所有电脑测试出的运行时间：

运行10000个数据。（ieu批量数据前10000个）除了服务器外，其他均使用Windows系统

CPU	核数（运行时开的线程数）	时间

CPU	核数（运行时开的线程数）	时间
i9-12900H（拯救者2022 Y9000P 狂暴模式）	14核20线程（14）	1小时28分
r7-5700X（台式）	8核16线程（16）	1小时38分
r9-6800H (yoga2022 14S 性能模式)	8核16线程（16）	1小时54分
r5-3500X (台式)	6核12线程 （12）	3小时47分
r5-4600H （拯救者 2020 R7000 狂暴模式）	6核12线程 （12）	约4小时
双路 EPYC 7T83 （服务器 Linux）	128核256线程（128）	11分钟

欢迎各位补充自己手头的机器的运行时间数据，尤其M系列的苹果处理器数据

一些小工具

get_rsid

描述

根据CHR和POS，从ensemble官网中获取rsID。

用法

```
get_rsid(chr, pos, version = 'hg38')
```

参数

- `chr`：染色体号。
- `pos`：基因位置。
- `version`：表示使用的基因组版本，默认为最新的版本（`'hg38'`）。也可选择hg19.
- 注： GRCh37=hg19，GRCh38=hg38

详细说明

该函数基于生物信息学数据库Ensembl SNP Mart来查询给定位置的相关信息。如果未指定基因组版本，则默认使用最新的版本(hg38)。该函数会根据指定的基因组版本选择正确的URL。如果您想查询其他版本的数据，可以将`version`参数设置为相应版本的字符串。

参考：[How to find rsID with biomaRt in R (bioconductor.org)]

使用举例

```
ds4 <- data.frame(CHR = c("8", "8", "8", "8", "8"),POS = c('101592213', '106973048', '108690829', '102569817', '108580746'))
res<-get_rsid(chr=ds4$CHR, pos=ds4$POS, version = 'hg38')
```

错误说明

如果出现：

```
Error in curl::curl_fetch_memory(url, handle = handle) :
  Timeout was reached: [grch37.ensembl.org:80] Operation timed out after 300013 milliseconds with 7909 bytes received
```

这并不是代码问题，而是网络超时了，ensemble的API经常拥堵，多试几次即可。当然也有可能请求的数据量太大，也可能会出现这个问题。

get_exposure 和 get_outcome

描述

这两个函数是用于进行双样本MR（Two-sample Mendelian Randomization）分析的数据处理和提取过程的功能函数。

- `get_exposure`函数用于从给定的遗传仪器ID中提取出暴露（exposure）数据。
- `get_outcome`函数用于从给定的遗传仪器ID和暴露数据中提取出结果（outcome）数据。

用法

使用这两个函数前，需要先安装并加载TwoSampleMR包。

```
library(TwoSampleMR)
```

然后可以直接在R语言中调用这两个函数，如下所示：

```
# 调用get_exposure函数
exposure_data <- get_exposure(id = "ieu-a-1", pval = 5e-8, r2 = 0.001, kb = 10000)

# 调用get_outcome函数
outcome_data <- get_outcome(id = "ieu-a-1", expo = exposure_data)
```

参数

- `get_exposure` 函数的参数说明：
  - `id`：遗传仪器ID。
  - `pval`：提取暴露数据的P值阈值，默认为5e-08。
  - `r2`：遗传仪器间的LD（linkage disequilibrium）值的阈值，默认为0.001。
  - `kb`：遗传仪器的范围（以kb为单位），默认为10000。
- `get_outcome` 函数的参数说明：
  - `id`：遗传仪器ID。
  - `expo`：暴露数据，TwoSampleMR包格式

get_ao

描述

获取OPEN GWAS数据库所有可用的ID。可以指定获取某个前缀的ID

用法

使用这个函数前，需要先安装并加载TwoSampleMR包。然后可以直接在R语言中调用这个函数，如下所示：

```
# 调用get_ao函数
ao <- get_ao()## 不限定来源则返回所有id
ao <- get_ao(a = "finn")## 这样就会返回finn的所有可用id
```

参数

- `a`：（可选）数据来源。

备注： 来源的名称

来自OPEN GWAS Browse the IEU OpenGWAS project (mrcieu.ac.uk) 5.1获取

Batch	Description	Count
bbj-a	Biobank Japan release of disease traits	120
ebi-a	Datasets that satisfy minimum requirements imported from the EBI database of complete GWAS summary data	2,585
eqtl-a	eQTLGen 2019 results, comprising all cis and some trans regions of gene expression in whole blood	19,942
finn-b	FinnGen biobank analysis round 5	2,803

Batch	Description	Count
ieu-a	GWAS summary datasets generated by many different consortia that have been manually collected and curated, initially developed for MR-Base	440
ieu-b	GWAS summary datasets generated by many different consortia that have been manually collected and curated, initially developed for MR-Base (round 2)	207
met-a	Human blood metabolites analysed by Shin et al 2014	452
met-b	Human immune system traits analysed by Roederer et al 2015	150
met-c	Circulating metabolites analysed by Kettunen et al 2016	123
met-d	Metabolic biomarkers in the UK Biobank measured by Nightingale Health 2020	249
prot-a	Complete GWAS summary data on protein levels as described by Sun et al 2018	3,282
prot-b	Complete GWAS summary data on protein levels as described by Folkersen et al 2017	83
prot-c	Complete GWAS summary data on protein levels as described by Suhre et al 2017	1,124
ubm-a	Complete GWAS summary data on brain region volumes as described by Elliott et al 2018	3,143
ukb-a	Neale lab analysis of UK Biobank phenotypes, round 1	596
ukb-b	IEU analysis of UK Biobank phenotypes	2,514
ukb-d	Neale lab analysis of UK Biobank phenotypes, round 2	904
ukb-e	Pan-ancestry genetic analysis of the UK Biobank performed at the Broad Institute	3,873

clean_outcome_from_exposure

描述

（主要用于向量化）用于清洗outcome。将exposure中（list形式，也就是批量化的形式存在的exposure）不存在的SNP从outcome中剔除，大幅精简outcome，并大幅提升harmonise_data的速度。

实测清洗与不清洗outcome对比，速度相差一百倍以上。

用法

直接在R语言中调用这个函数，如下所示：

```
# 调用clean_outcome_from_exposure函数
cleaned_outcome <- clean_outcome_from_exposure(expo = exposure_data, outcome = outcome_data)
```

参数

- `expo`: 暴露数据，格式为**list**，TwoSampleMR包格式。比如get_exposure批量化获取下来的数据
- `outcome`: 结果数据，TwoSampleMR包格式。

clean_GWAS

描述

这个函数是用于清洗遗传关联数据集，使其符合特定的数据集要求的功能函数。

用法

直接在R语言中调用这个函数，如下所示：

```
# 调用clean_GWAS函数
cleaned_GWAS_list <- clean_GWAS(list = GWAS_list, clean = c("bbj", "eqtl"))
```

参数

- `list`:一个list。里面包含每个暴露的data.frame。 具体参考批量运行get_exposure后的结果
- `clean`: 需要清洗的数据集名称，一个字符型向量类型。具体参考get_ao的附注。

返回值

- `clean_GWAS` 函数返回一个清洗后的遗传关联数据集列表，符合特定数据集要求。

作者信息

- 代码作者：广州医科大学 第一临床学院 周浩彬 第二临床学院 谢治鑫
- 帮助文档作者： 周浩彬

- 时间：2023/5/1
- 适配版本: Get_MR2.0

- 公众号： GetScience

- 致谢：感谢广州医科大学 第六临床学院 黄覃耀和 南山学院 林子凯在孟德尔随机化概念，代码思路等提供的重要的建设性建议。