



# AULA: Mapeamento por Associação (GWAS)

Helio de Souza Junior,\*PG:55679

2025-06-02

## Índice

Pacote - mrMLM . . . . .	2
Artigos . . . . .	2
Pré-requisitos . . . . .	2
Configurando seu ambiente de trabalho . . . . .	2
Instalar o pacote mrMLM e suas dependências . . . . .	2
Preparando Dados . . . . .	3
Devem ser preparados quatro dados de entrada diferentes: . . . . .	3
Análise de associação em todo o genoma usando a função mrMLM do pacote mrMLM. . . . .	3
Trait 1 . . . . .	3
Trait 2 . . . . .	4
Serão produzidos quatro resultados diferentes: . . . . .	4
Shiny . . . . .	5

---

\*Universidade Estadual de Maringá, pg55679@uem.br

**Disciplina:** Genômica Aplicada ao Melhoramento de Plantas, ministrada pela Profa. Dra. Maria Celeste

**Aula:** Mapeamento por Associação (GWAS), ministrada pela Dra. Stephanie Alves.

Arquivo elaborado por [Helio de Souza Junior](#), com [RStudio](#) usando [Rmarkdown LaTeX](#) e [Quarto](#) . Código disponível no meu [GitHub](#).

## **Pacote - mrMLM**

Multi-Locus Random-SNP-Effect Mixed Linear Model Tools for GWAS. [Manual PDF](#).

## **Artigos**

Methodological implementation of mixed linear models in multi-locus genome-wide association studies. <https://doi.org/10.1093/bib/bbw145>.

mrMLM v4.0.2: An R Platform for Multi-locus Genome-wide Association Studies. <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2020.06.006>.

A compressed variance component mixed model for detecting QTNs and QTN-by-environment and QTN-by-QTN interactions in genome-wide association studies. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.02.012>.

## **Pré-requisitos**

Antes de executar os scripts de análise, certifique-se de estar usando o **R versão 4.4.3** ou **superior**. Isso é essencial para a compatibilidade com o pacote **mrMLM** e suas dependências.

## **Configurando seu ambiente de trabalho**

Para começar, defina seu diretório de trabalho no R como o local onde você armazenou os scripts de análise e os arquivos de dados. Você pode fazer isso modificando o seguinte comando com o caminho do seu diretório específico:

## **Instalar o pacote mrMLM e suas dependências**

Você pode usar o **mrMLM.GUI** ou a instalação baseada em comandos.

```
options(repos = c(CRAN = "https://cran.r-project.org"))
install.packages("mrMLM.GUI", dependencies = TRUE)
```

## Preparando Dados

Os dados genotípicos e fenotípicos devem ser preparados no formato correto, conforme disponível na pasta de dados de exemplo do pacote [mrMLM no CRAN](#).

### Devem ser preparados quatro dados de entrada diferentes:

1. Dados genotípicos
2. Dados fenotípicos
3. Matriz de estrutura populacional ( $Q$ )
4. Matriz de parentesco ( $K$ ) por enquanto não fazer

**OBS:** Modificar os caminhos dos arquivos de dados

```
GenotypicData <- read.csv("C:/Mapeamento por associação/Genotype_Hmp.txt")
PhenotypicData <- read.csv("C:/Mapeamento por associação/Phenotype.txt")
PopStr <- read.csv("C:/Mapeamento por associação/PopStr.txt")
```

## Análise de associação em todo o genoma usando a função mrMLM do pacote mrMLM.

### Trait 1

```
# Cria a pasta se ela ainda não existir
dir.create("C:/Mapeamento por associação/Resultados_GWAS", recursive = TRUE)
```

```
# Executa a análise
mrMLM(
  fileGen = "C:/Mapeamento por associação/Genotype_Hmp.txt",
  filePhe = "C:/Mapeamento por associação/Phenotype.txt",
  filePS = "C:/Mapeamento por associação/PopStr.txt",
  Genformat = "Hmp",
  method = c("ISIS EM-BLASSO", "mrMLM", "FASTmrMLM", "FASTmrEMMA", "pLARmEB", "pKWmEB"),
  Likelihood = "REML",
```

```

    trait = 1,
    SearchRadius = 20,
    CriLOD = 3,
    Bootstrap = TRUE,
    DrawPlot = TRUE,
    Plotformat = "jpeg",
    dir = "C:/Mapeamento por associação/Resultados_GWAS",
    PopStrType = "Q"
)

```

## Trait 2

```

# Cria a pasta se ela ainda não existir
dir.create("C:/Mapeamento por associação/Resultados_GWAS", recursive = TRUE)

```

```

# Executa a análise
mrMLM(
  fileGen = "C:/Mapeamento por associação/Genotype_Hmp.txt",
  filePhe = "C:/Mapeamento por associação/Phenotype.txt",
  filePS = "C:/Mapeamento por associação/PopStr.txt",
  Genformat = "Hmp",
  method = c("ISIS EM-BLASSO", "mrMLM", "FASTmrMLM", "FASTmrEMMA", "pLARmEB", "pKWmEB"),
  Likelihood = "REML",
  trait = 2,
  SearchRadius = 20,
  CriLOD = 3,
  Bootstrap = TRUE,
  DrawPlot = TRUE,
  Plotformat = "jpeg",
  dir = "C:/Mapeamento por associação/Resultados_GWAS",
  PopStrType = "Q"
)

```

## Serão produzidos quatro resultados diferentes:

1. Resultados finais contendo associações significativas entre marcadores e características com valores de  $-\log_{10}(p)$ , valores de  $R^2$  e outros detalhes necessários.
2. Resultados intermediários.

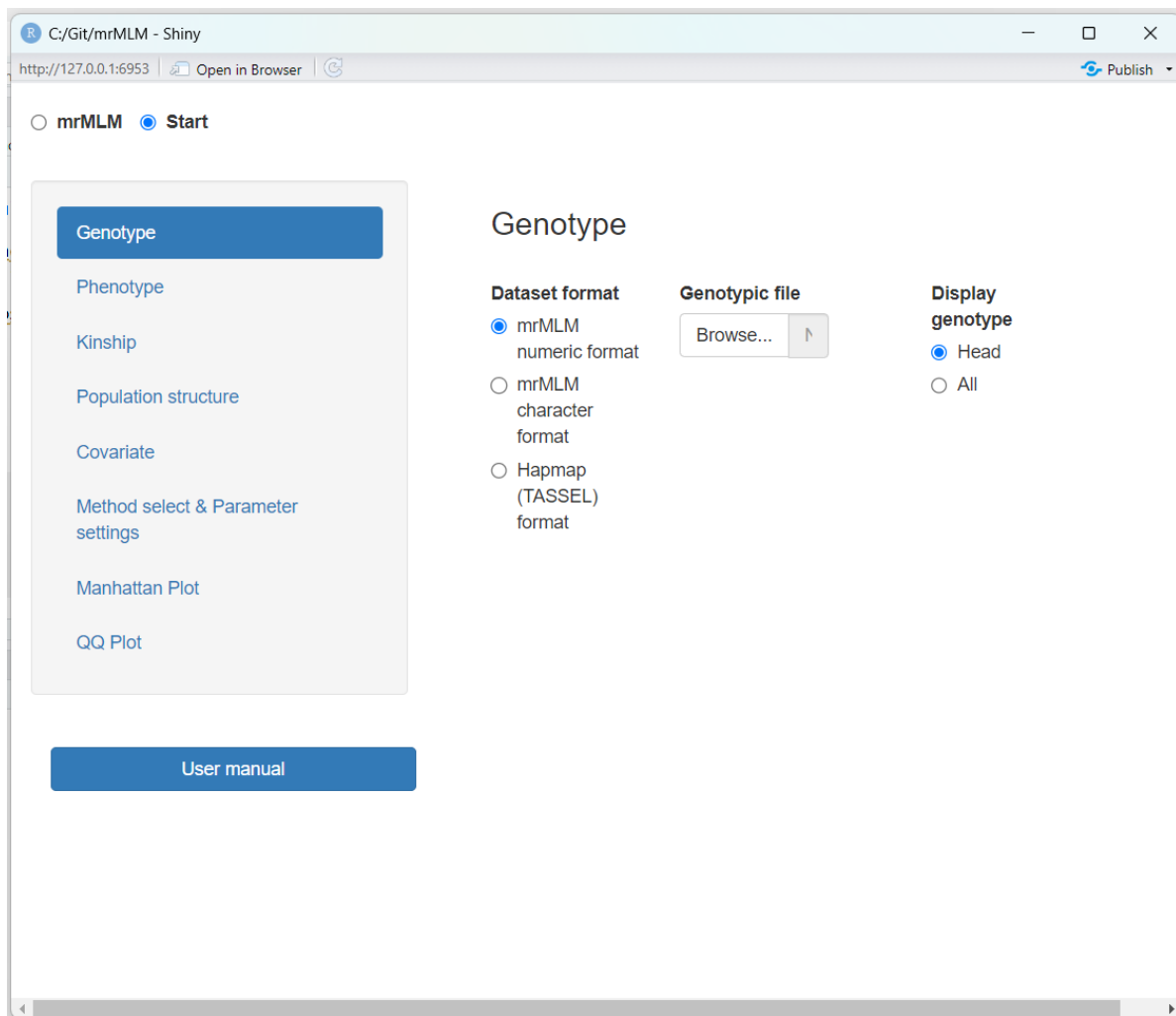
3. O gráfico de Manhattan.
4. O gráfico QQ.

## Shiny

Temos também a opção de usar o Shiny sem precisar elaborar as linhas de comandos

O mrMLM.GUI é iniciada por meio dos dois comandos ” library (mrMLM.GUI)” e ” mrMLM.GUI ()“. Foi desenvolvido com base no Shiny.

```
# download Rtools  
  
library("mrMLM.GUI")  
mrMLM.GUI()
```



Para mais informações abrir o [Manual PDF](#).