

Workshop: Mendelian randomization analysis

Marielisa Graff, PhD. Research Associate Professor

Cheat Sheet para la línea de comando

Directorios

```
$ pwd
```

Muestra el camino al directorio de trabajo actual

```
$ cd <directorio>
```

Cambia el directorio de trabajo a <directorio>

```
$ cd ..
```

Ir al directorio principal

Opciones: ~, /

```
$ ls
```

Enlista los contenidos del directorio

```
$ ls -la
```

Enlista detalladamente los contenidos del directorio, incluyendo archivos ocultos

```
$ ll
```

Atajo: Enlista detalladamente los contenidos del directorio, incluyendo archivos ocultos

Output

```
$ cat <archivo>
```

Muestra el contenido del <archivo>

```
$ head <archivo>
```

Muestra las primeras 10 líneas del <archivo>

```
$ <cmd> > <file>
```

Indica que el resultado de un comando <cmd> a un <archivo>

```
$ clear
```

Limpia la ventana de la línea de comandos

Archivos

```
$ rm <archivo>
```

Elimina el <archivo> indicado

```
$ rm -r <directorio>
```

Elimina el <directorio> y sus contenidos

```
$ mv <archivo-old> <archivo-new>
```

Renombra <archivo-old> a <archivo-new>

```
$ mv <archivo> <directorio>
```

Mueve el <archivo> a <directorio>

(Puede sobrescribir un archivo con el mismo nombre)

```
$ cp <archivo> <directorio>
```

Copia el <archivo> a otro <directorio>

(Puede sobrescribir un archivo con el mismo nombre)

```
$ cp -r <directorio1> <directorio2>
```

Copia el <directorio1> y sus contenidos al <directorio2>

(Puede sobrescribir directorios existentes)

```
$ touch <archivo>
```

Crea un <archivo> si este no existe

Búsqueda

```
$ find <directorio> -name "<archivo>"
```

Encuentra todos los archivos con el nombre <archivo> en el <directorio>

```
$ grep "<texto>" <archivo>
```

Da todas las veces en las que un <texto> aparece en un <archivo>

```
$ grep -rI "<texto>" <directorio>
```

Busca todos archivos que contengan el <texto> dentro de un <directorio>



Workshop: Mendelian randomization analysis

Marielisa Graff, PhD. Research Associate Professor

Cheat Sheet para R

Tidyverse es una potente colección de paquetes de R que en realidad son herramientas de datos para transformar y visualizar datos.

La pipa `%>%` es parte importante del flujo de trabajo; se usa para destacar una secuencia de acciones en lugar del objeto sobre el que se realizan las acciones.

Se utiliza indicando primero la base de datos para conectarla con la función que se quiere aplicar.

```
> library(tidyverse)
> iris %>%
  head()
```

	Sepal.Length	Sepal.width	Petal.Length	Petal.width	Species
1	5.1	3.5	1.4	0.2	setosa
2	4.9	3.0	1.4	0.2	setosa
3	4.7	3.2	1.3	0.2	setosa
4	4.6	3.1	1.5	0.2	setosa
5	5.0	3.6	1.4	0.2	setosa
6	5.4	3.9	1.7	0.4	setosa

Librerías

```
> install.packages(<paquete>)
```

Descarga e instala paquetes de los repositorios del CRAN o de archivos locales

```
> library(<paquete>)
```

Carga el **<paquete>** indicado en el área de trabajo

Utilidades

El operador de asignación `<-` sirve para asignar valores a variables

```
> x <- 10
> x
10
```

Tidyverse

```
> filter()
```

Permite seleccionar un subgrupo de datos con base en una condición lógica

```
iris %>%
  filter(Species == "virginica")
```

```
> mutate()
```

Permite modificar o crear una variable

```
iris %>%
  mutate(Sepal.Length = Sepal.Length * 10)
```

```
> summarize()
```

Permite convertir muchas observaciones en un único punto de datos

Utilizado principalmente para obtener estadística de resumen de la base de datos

```
iris %>%
  summarize(medianSL = median(Sepal.Length))
```

```
> read_csv()
```

Lee (importa) un archivo con terminación ".csv"

```
my_data <- read_csv("path_to_data/dat.csv")
```

```
> str_c()
```

Combina varias variables alfanuméricas en una sola variable

```
str_c("hello", "world", sep = " ")
```



Workshop: Mendelian randomization analysis

Marielisa Graff, PhD. Research Associate Professor

Cheat Sheet paquetes

Resumen de los paquetes usados en el workshop:

- **MendelianRandomization**
Paquete desarrollado para llevar a cabo varios análisis de aleatorización mendeliana sobre datos genéticos en R.
El paquete utiliza varios métodos para evaluar si un factor de riesgo (o exposición) tiene un efecto causal sobre un evento.
- **metafor**
Proporciona funciones para llevar a cabo metaanálisis en R.
Incluye funciones para ajustar los modelos de efectos fijos y aleatorios. Permite la inclusión de variables moderadoras en los modelos.
- **TwoSampleMR**
Paquete enfocado en el análisis de aleatorización mendeliana de dos muestras (2SMR).
Este es un método para estimar el efecto causal de una exposición sobre un resultado utilizando sólo estadísticas resumidas de estudios de asociación de genoma completo (GWAS).
- **MRPRESSO**
Mendelian Randomization Pleiotropy RESidual Sum and Outlier, es un método que permite evaluar la pleiotropía horizontal en la aleatorización mendeliana multi instrumento utilizando estadísticas de asociación resumidas de todo el genoma.

