

# Package ‘SNPtools’

June 27, 2025

**Title** Ferramentas S4 para Leitura e Organização de Dados Genéticos

**Version** 0.1.0

**Maintainer** Vinicius Junqueira <junqueiravinicius@hotmail.com>

**Description** Estruturas baseadas em S4 para encapsular leitura de arquivos PLINK e FImpute com argumentos customizáveis.

**Depends** R (>= 4.1.0),  
snpStats,  
tidyverse

**Imports** methods,  
data.table,  
fQC

**Suggests** knitr,  
rmarkdown

**VignetteBuilder** knitr

**Encoding** UTF-8

**License** GPL-3

**RoxygenNote** 7.3.2

## Contents

check.sample.call.rate . . . . .	2
combinarSNPData . . . . .	2
getGeno . . . . .	3
importAllGenos . . . . .	3
import_genos_list . . . . .	4
qcSamples . . . . .	4
qcSNPs . . . . .	5
runFImpute . . . . .	6
saveFImpute . . . . .	6
saveFImpute,SNPDataLong-method . . . . .	7
saveFImputeRaw . . . . .	7
summary,SNPDataLong-method . . . . .	8

<b>Index</b>	<b>9</b>
--------------	----------

check.sample.call.rate

*Check Sample Call Rate*

---

### Description

Identifies samples with call rate below a given threshold.

### Usage

```
check.sample.call.rate(sample.summary, min.call.rate)
```

### Arguments

sample.summary A data frame with a "Call.rate" column for each sample.  
min.call.rate Minimum acceptable call rate (between 0 and 1).

### Value

A character vector with the names of samples to remove.

---

combinarSNPData

*Combina múltiplos objetos SNPDataLong (painéis diferentes)*

---

### Description

Combina múltiplos objetos SNPDataLong (painéis diferentes)

### Usage

```
combinarSNPData(lista)
```

### Arguments

lista Lista de objetos da classe SNPDataLong

### Value

Objeto SNPDataLong unificado

---

getGeno	<i>Leitura flexível e eficiente de genótipos com autodetecção usando fread</i>
---------	--

---

**Description**

Leitura flexível e eficiente de genótipos com autodetecção usando fread

**Usage**

```
getGeno(...)
```

**Arguments**

path	Caminho para o FinalReport.txt
fields	Lista com as colunas: sample, snp, allele1, allele2, confidence
codes	Vetor com os códigos de alelos (ex: c("A", "B"))
threshold	Corte para qualidade (confidence)
sep	Separador usado no arquivo
skip	Linhas a pular no topo
verbose	Exibir progresso?
every	Frequência de progresso

**Value**

Objeto da classe SNPDataLong ou NULL em caso de erro

---

importAllGenos	<i>Importa e combina múltiplas configurações de genótipos</i>
----------------	---

---

**Description**

Importa e combina múltiplas configurações de genótipos

**Usage**

```
importAllGenos(object)
```

**Arguments**

object	Objeto do tipo SNPImportList
--------	------------------------------

**Value**

Objeto SNPDataLong combinado

---

<code>import_geno_list</code>	<i>Importa múltiplos conjuntos genotípicos a partir de uma lista de configurações</i>
-------------------------------	---

---

### Description

Importa múltiplos conjuntos genotípicos a partir de uma lista de configurações

### Usage

```
import_geno_list(config_list)
```

### Arguments

`config_list`      Lista com configurações (cada elemento é uma lista com path, fields, sep, etc.)

### Value

Objeto SNPDataLong unificado

---

<code>qcSamples</code>	<i>Quality control on samples</i>
------------------------	-----------------------------------

---

### Description

Applies quality control (QC) procedures to samples in a ‘SNPDataLong’ object, based on heterozygosity and call rate thresholds.

### Usage

```
qcSamples(x, ...)

## S4 method for signature 'SNPDataLong'
qcSamples(
  x,
  heterozygosity = NULL,
  smp_cr = NULL,
  action = c("report", "filter", "both")
)
```

**Arguments**

x	An object of class ‘SNPDataLong’.
heterozygosity	A numeric threshold or range for heterozygosity. Samples outside this threshold are removed.
smp_cr	Minimum acceptable sample call rate (between 0 and 1). Samples below this value are removed.
action	Character string indicating the action to perform. One of: - “report”: only returns a list of samples to remove and those kept; - “filter”: returns a filtered object without reporting; - “both”: performs filtering and returns the filtered object.

**Value**

Depending on the ‘action’ argument: - “report”: returns a list with removed and kept samples; - “filter”: returns a new ‘SNPDataLong’ object with filtered genotypes; - “both”: returns a list with: - ‘filtered’: the filtered ‘SNPDataLong’ object; - ‘report’: a list of removed and kept samples.

qcSNPs

*Controle de Qualidade para SNPDataLong com critérios opcionais***Description**

Permite análise de qualidade genotípica com critérios definidos pelo usuário.

**Usage**

```
qcSNPs(x, ...)
```

**Arguments**

x	Objeto da classe SNPDataLong
missing_ind	Proporção máxima de dados faltantes permitida por indivíduo (opcional)
missing_snp	Proporção máxima de dados faltantes permitida por SNP (opcional)
min_snp_cr	Mínimo call rate aceitável para SNPs
min_maf	Frequência alélica mínima permitida para SNPs (opcional)
hwe	Identifica SNPs com desvio de HWE
snp_mono	Identifica SNPs monomórficos
remove_chr	Descarta SNPs localizados nos cromossomos listados
action	"report", "filter" ou "both"

**Value**

Dependendo do argumento ‘action’, retorna: - "report": lista com SNPs removidos por critério; - "filter": objeto ‘SNPDataLong’ com SNPs filtrados; - "both": lista contendo o objeto filtrado e o relatório.

## Examples

```
## Not run:
set.seed(123)
mat <- matrix(sample(c(0, 1, 2, NA), 100, replace = TRUE, prob = c(0.4, 0.4, 0.15, 0.05)),
              nrow = 10, ncol = 10)
colnames(mat) <- paste0("snp", 1:10)
rownames(mat) <- paste0("ind", 1:10)
map <- data.frame(Name = colnames(mat), Chrom = 1, Position = 1:10)
x <- new("SNPDataLong", geno = mat, map = map)

qcSNPs(x, min_snp_cr = 0.8, min_maf = 0.05, snp_mono = TRUE, action = "report")
## End(Not run)
```

---

runFImpute

*Executa o FImpute a partir de um objeto FImputeRunner*


---

## Description

Esta função executa o software externo FImpute a partir de um objeto da classe FImputeRunner, garantindo que os arquivos necessários estejam disponíveis e que os resultados possam ser lidos.

## Usage

```
runFImpute(object)
```

## Arguments

object                      Objeto da classe FImputeRunner

## Value

Objeto FImputeRunner com o slot ‘results’ preenchido

---

saveFImpute

*Método S4 para salvar arquivos no formato FImpute*


---

## Description

Método S4 para salvar arquivos no formato FImpute

## Usage

```
saveFImpute(object, ...)
```

## Arguments

object                      Objeto da classe FImputeExport

---

`saveFImpute,SNPDataLong-method`*Exporta genótipos e mapa de um objeto SNPDataLong no formato FImpute*

---

**Description**

Esta função cria internamente um objeto da classe FImputeExport e exporta os arquivos ‘.gen’ e ‘.map’.

**Usage**

```
## S4 method for signature 'SNPDataLong'
saveFImpute(object, path = "fimpute_run", name = "gen_data")
```

**Arguments**

object	Objeto da classe ‘SNPDataLong’
path	Diretório onde os arquivos serão salvos (default = "fimpute_run")
name	Nome base dos arquivos gerados (default = "gen_data")

**Value**

NULL (arquivos são salvos no disco)

---

saveFImputeRaw	<i>Exporta genótipos e mapa no formato FImpute a partir de argumentos simples</i>
----------------	---

---

**Description**

Exporta genótipos e mapa no formato FImpute a partir de argumentos simples

**Usage**

```
saveFImputeRaw(geno, map, path, name)
```

**Arguments**

geno	Objeto do tipo SnpMatrix (do pacote snpStats)
map	Data frame com colunas ‘Name’, ‘Chromosome’ e ‘Position’
path	Caminho onde os arquivos serão salvos
name	Nome base para os arquivos de saída

---

summary,SNPDataLong-method

*Summary para objetos da classe SNPDataLong*

---

**Description**

Summary para objetos da classe SNPDataLong

**Usage**

```
## S4 method for signature 'SNPDataLong'  
summary(object, ...)
```

**Arguments**

object                      Objeto do tipo SNPDataLong

**Value**

Imprime resumo na tela



# Index

`check.sample.call.rate`, [2](#)

`combinarSNPData`, [2](#)

`getGeno`, [3](#)

`import_geno_list`, [4](#)

`importAllGenos`, [3](#)

`qcSamples`, [4](#)

`qcSamples`, `SNPDataLong`-method

(`qcSamples`), [4](#)

`qcSNPs`, [5](#)

`runFImpute`, [6](#)

`saveFImpute`, [6](#)

`saveFImpute`, `SNPDataLong`-method, [7](#)

`saveFImputeRaw`, [7](#)

`summary`, `SNPDataLong`-method, [8](#)