

# Package ‘SNPtools’

June 26, 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

combinarSNPData . . . . .	2
getGeno . . . . .	2
importAllGenos . . . . .	3
import_genos_list . . . . .	3
qcSNPs . . . . .	4
runFImpute . . . . .	4
saveFImpute . . . . .	5
saveFImpute,SNPDataLong-method . . . . .	5
saveFImputeRaw . . . . .	6
summary,SNPDataLong-method . . . . .	6

<b>Index</b>	<b>7</b>
--------------	----------

---

combinarSNPData	<i>Combina múltiplos objetos SNPDataLong (painéis diferentes)</i>
-----------------	---

---

**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

---

import_geno_list	<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

---

qcSNPs	<i>Controle de Qualidade para SNPDataLong com critérios opcionais</i>
--------	---

---

**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**

Lista com sumário dos filtros e (opcionalmente) os dados filtrados

---

runFImpute	<i>Executa o FImpute a partir de um objeto FImputeRunner</i>
------------	--

---

**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

combinarSNPData, [2](#)

getGeno, [2](#)

import\_geno\_list, [3](#)

importAllGenos, [3](#)

qcSNPs, [4](#)

runFImpute, [4](#)

saveFImpute, [5](#)

saveFImpute, SNPDataLong-method, [5](#)

saveFImputeRaw, [6](#)

summary, SNPDataLong-method, [6](#)