

# Package ‘SNPtools’

June 10, 2025

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

**Version** 0.1.0

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

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

**Imports** methods,  
data.table

**Encoding** UTF-8

**License** GPL-3

**RoxygenNote** 7.3.2

## Contents

|  |   |
|--|---|
| combinarSNPData . . . . .                | 1 |
| getGeno . . . . .                        | 2 |
| importAllGenos . . . . .                 | 3 |
| import_genos_list . . . . .              | 3 |
| runFImpute . . . . .                     | 4 |
| saveFImpute . . . . .                    | 4 |
| saveFImpute,SNPDataLong-method . . . . . | 5 |
| saveFImputeRaw . . . . .                 | 5 |
| 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

---

|            |  |
|------------|--|
| 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 | <i>Método S4 para salvar arquivos no formato FImpute</i> |
|-------------|--|

---

**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, [1](#)

getGeno, [2](#)

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

importAllGenos, [3](#)

runFImpute, [4](#)

saveFImpute, [4](#)

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

saveFImputeRaw, [5](#)

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