

Package ‘SNPtools’

June 10, 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

Imports methods,
data.table

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
runFImpute	4
saveFImpute	4
saveFImpute,SNPDataLong-method	5
saveFImputeRaw	5
summary,SNPDataLong-method	6

Index	7
--------------	----------

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, [2](#)

getGeno, [2](#)

import_geno_list, [3](#)

importAllGenos, [3](#)

runFImpute, [4](#)

saveFImpute, [4](#)

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

saveFImputeRaw, [5](#)

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