

3_CALCULO_FROH.R

```
##### Calculo da endogamia por ROH (FROH) pelo pacote detectRUNS #
# Para cálculo de endogamia (com base no genoma, em chr ou por comprimentos),
sobreposição de ROH e estatísticas da saída:

# detectRUNS is a R package for the detection of runs of homozygosity (ROH/ROHom) and of
heterozygosity (ROHet, a.k.a. "heterozygosity-rich regions") in diploid genomes.

# Mais informações em: https://cran.r-project.org/web/packages/detectRUNS/index.html
#####

rm(list=ls())
options(stringsAsFactors=F)

setwd("direcionar/para/o/diretorio") # Copiar e colar aqui entre os "" o caminho da pasta no
qual estão os arquivos

# Instalando o pacote! Remover a # do comando abaixo e rodar para instalar o pacote
#install.packages("detectRUNS")
library(detectRUNS) # Abrindo o pacote

# Arquivo de mapa com: chr, name, pos (cM), pos (bp)
mapFile <- "diretorio/arquivo123.map" #Só funciona com o caminho (NÃO LER O ARQUIVO
COM 'READ.TABLE'!)

# Arquivo.hom contendo: group, id, chrom, nSNP, from, to, lengthBps
runsFile <- read.table("roh_out_arquivo123.hom", h=T)
head(runsFile)
dim(runsFile)
runsDF <- runsFile[, c("FID", "IID", "CHR", "NSNP", "POS1", "POS2", "KB")]
dim(runsDF)
colnames(runsDF) <- c("group", "id", "chrom", "nSNP", "from", "to", "lengthBps")
head(runsDF)
## OBS: a saída.hom do plink dá os comprimentos de ROH em KB, e o detectRUNS lê em Bp,
tem que multiplicar por 1000 ou só tirar os "." como é feito no comando abaixo
runsDF$lengthBps <- as.numeric(gsub("\\.", "", runsDF$lengthBps))
head(runsDF)

# Calculando a endogamia (Froh) por cromossomo, por animal (genoma completo) e por
animal e classe
Froh_chr <- Froh_inbreeding(runs = runsDF, mapFile = mapFile, genome_wide = F) # Por
cromossomo
Froh_GW <- Froh_inbreeding(runsDF, mapFile, genome_wide = T) # Por genoma completo
```

```
Froh_class <- Froh_inbreedingClass(runs = runsDF, mapFile = mapFile, Class = 2) # Por classe  
(default: 0-2, 2-4, 4-8, 8-16, >16)
```

```
# Salvando os resultados
```

```
write.table(Froh_chr, file= "Froh_chr.txt", quote= F, row.names= F)
```

```
write.table(Froh_GW, file= "Froh_GW.txt", quote= F, row.names= F)
```

```
write.table(Froh_class, file= "Froh_class.txt", quote= F, row.names= F)
```

4_FROH_graficos.R

Particular

2023-10-04

```
#####  
#### Graficos de FROH ####  
#####
```

```
rm(list=ls())  
options(stringsAsFactors=F)
```

```
# Direcionar para o diretorio  
setwd("D:\\PessoaID\\Doutorado\\Cap 2 ROH\\Tutorial\\1_ROH_FROH")
```

```
#### FROH por cromossomo ####
```

```
froh_chr<-read.table("Froh_chr.txt",h=T) # Importando FROH por cromossomo  
dim(froh_chr) # Dimensao: numero de linhas (animais) e colunas
```

```
## [1] 2093 31
```

```
froh_chr[1:5,1:5] # Visualizando as primeiras 5 linhas e cinco colunas
```

```
##          id group      Chr_1      Chr_2      Chr_3  
## 1 102916029440    0 0.21594607 0.124578646 4.884054e-02  
## 2      AB52502    0 0.04430106 0.138408670 4.151394e-01  
## 3      AB52503    0 0.02855563 0.059688670 9.169098e-05  
## 4      AB52505    0 0.03985968 0.042222508 6.958319e-02  
## 5      AB52508    0 0.22184243 0.008756868 1.789065e-02
```

```
mean_chr<-colMeans(froh_chr[, -c(1:2)],na.rm=T) # Calculando a m?dia de FROH por cromossomo  
mean_chr # Visualizando
```

```
##      Chr_1      Chr_2      Chr_3      Chr_4      Chr_5      Chr_6  
## 0.05145600 0.07040493 0.05635015 0.05295715 0.07875464 0.06962446  
##      Chr_7      Chr_8      Chr_9      Chr_10      Chr_11      Chr_12  
## 0.06529484 0.05833241 0.08163632 0.06654122 0.06084093 0.07023695  
##      Chr_13      Chr_14      Chr_15      Chr_16      Chr_17      Chr_18  
## 0.07829137 0.08437571 0.07228278 0.06183384 0.06897990 0.06401125  
##      Chr_19      Chr_20      Chr_21      Chr_22      Chr_23      Chr_24  
## 0.08280667 0.08343621 0.08066486 0.08904874 0.09155900 0.07103638  
##      Chr_25      Chr_26      Chr_27      Chr_28      Chr_29  
## 0.09805656 0.08545276 0.08569222 0.11352964 0.09209414
```

```
min(mean_chr) # Valor minimo de FROH
```

```
## [1] 0.051456
```

```
max(mean_chr) # Valor maximo de FROH
```

```
## [1] 0.1135296
```

```
# Montando o grafico
```

```
# Coeficiente de endogamia (FROH) por cromossomo
```

```
b<-barplot(mean_chr,xaxt="n",ylim=c(0,0.12),xlab="Chromosome",ylab=expression("Average inbreeding coefficient F"[ROH]))
```

```
b
```

```
##      [,1]
```

```
## [1,] 0.7
```

```
## [2,] 1.9
```

```
## [3,] 3.1
```

```
## [4,] 4.3
```

```
## [5,] 5.5
```

```
## [6,] 6.7
```

```
## [7,] 7.9
```

```
## [8,] 9.1
```

```
## [9,] 10.3
```

```
## [10,] 11.5
```

```
## [11,] 12.7
```

```
## [12,] 13.9
```

```
## [13,] 15.1
```

```
## [14,] 16.3
```

```
## [15,] 17.5
```

```
## [16,] 18.7
```

```
## [17,] 19.9
```

```
## [18,] 21.1
```

```
## [19,] 22.3
```

```
## [20,] 23.5
```

```
## [21,] 24.7
```

```
## [22,] 25.9
```

```
## [23,] 27.1
```

```
## [24,] 28.3
```

```
## [25,] 29.5
```

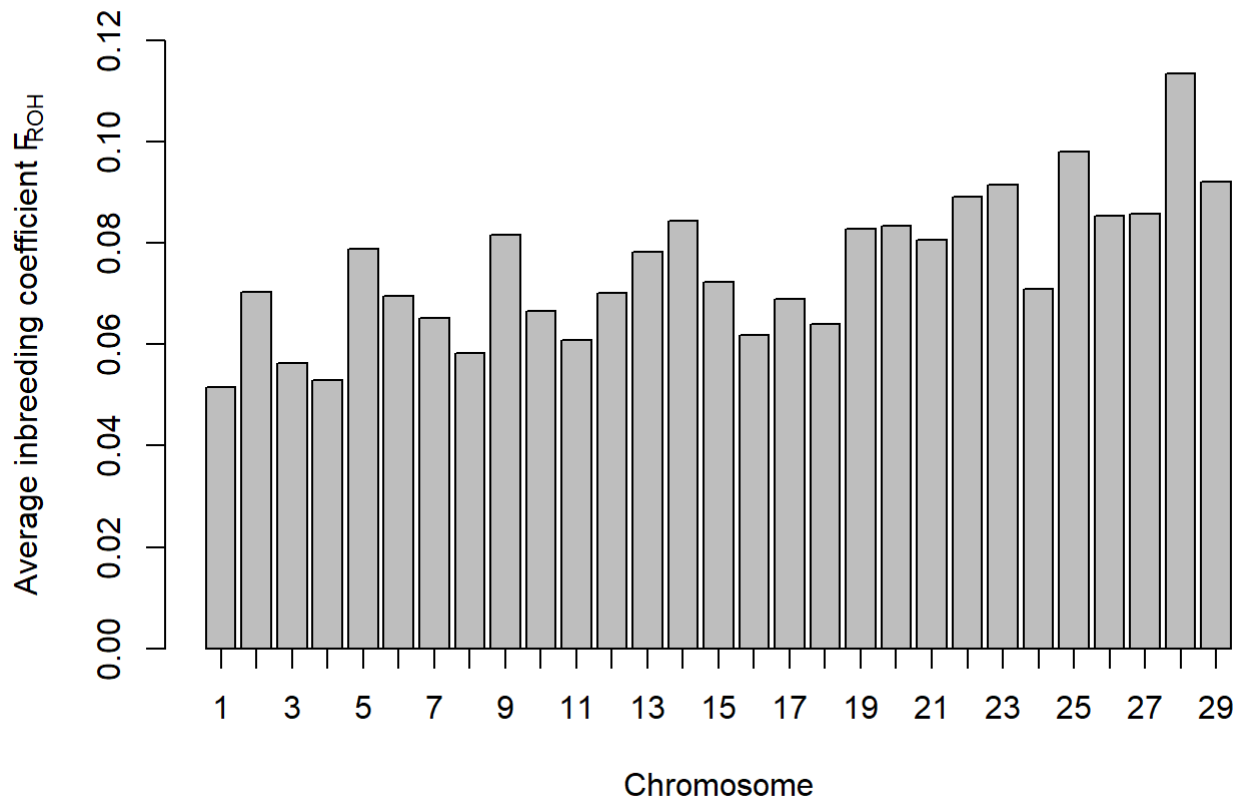
```
## [26,] 30.7
```

```
## [27,] 31.9
```

```
## [28,] 33.1
```

```
## [29,] 34.3
```

```
axis(1, at=b,labels=1:29)
```



```
# Export -> Save as Image ... ou ... Arquivo -> salvar como...
```

```
#### FROH por classe de ROH ####
```

```
class_file<-read.table("Froh_class.txt",h=T) # importando o arquivo
dim(class_file) # Dimensao: numero de linhas (animais) e colunas
```

```
## [1] 2093 12
```

```
head(class_file) # Visualizando as primeiras 6 linhas
```

```
##          id group Sum_Class_0 Froh_Class_0 Sum_Class_2 Froh_Class_2
## 1 102916029440      0  173311902   0.06902866  146001659   0.05815122
## 2    AB52502      0  197876710   0.07881262  168752066   0.06721252
## 3    AB52503      0   83782838   0.03336999   54984053   0.02189968
## 4    AB52505      0  169283907   0.06742435  132805787   0.05289542
## 5    AB52508      0  217854221   0.08676949  185706670   0.07396539
## 6    AB52511      0  269212052   0.10722488  229258915   0.09131188
##  Sum_Class_4 Froh_Class_4 Sum_Class_8 Froh_Class_8 Sum_Class_16
## 1  112704275   0.04488916   62502126   0.024894067   18714589
## 2  127883341   0.05093485   86003771   0.034254573   38329988
## 3   39570388   0.01576055   10940141   0.004357365           NA
## 4  108538021   0.04322977   68867537   0.027429356   17451685
## 5  157682990   0.06280380  118285313   0.047112038   57685111
## 6  197730995   0.07875458   151389952   0.060297335   67165263
##  Froh_Class_16
## 1   0.007453862
## 2   0.015266509
## 3           NA
## 4   0.006950858
## 5   0.022975491
## 6   0.026751355
```

```
colnames(class_file) # Verificando os nomes das colunas
```

```
## [1] "id"          "group"        "Sum_Class_0"  "Froh_Class_0"
## [5] "Sum_Class_2" "Froh_Class_2" "Sum_Class_4"  "Froh_Class_4"
## [9] "Sum_Class_8" "Froh_Class_8" "Sum_Class_16" "Froh_Class_16"
```

```
#As colunas com "Sum_..." indicam a soma dos comprimentos de ROHs para cada animal e cada classe
#As colunas com "Froh_..." indicam a m?dia de Froh para cada animal em cada classe
```

```
# Criando uma arquivo so com as medias de Froh
```

```
froh_class<-cbind(class_file$Froh_Class_0,class_file$Froh_Class_2,
                  class_file$Froh_Class_4,class_file$Froh_Class_8,class_file$Froh_Class_16)
```

```
# Atribuindo os nomes as coluans do novo arquivo
```

```
colnames(froh_class)<-c("Froh_Class_0","Froh_Class_2","Froh_Class_4","Froh_Class_8","Froh_Class_16")
dim(froh_class) # Dimensao: Numero de Linhas (animais) e colunas (classes)
```

```
## [1] 2093    5
```

```
head(froh_class) # Visualizando as primeiras 6 linhas do arquivo
```

```
##          Froh_Class_0 Froh_Class_2 Froh_Class_4 Froh_Class_8 Froh_Class_16
## [1,]   0.06902866   0.05815122   0.04488916   0.024894067   0.007453862
## [2,]   0.07881262   0.06721252   0.05093485   0.034254573   0.015266509
## [3,]   0.03336999   0.02189968   0.01576055   0.004357365           NA
## [4,]   0.06742435   0.05289542   0.04322977   0.027429356   0.006950858
## [5,]   0.08676949   0.07396539   0.06280380   0.047112038   0.022975491
## [6,]   0.10722488   0.09131188   0.07875458   0.060297335   0.026751355
```

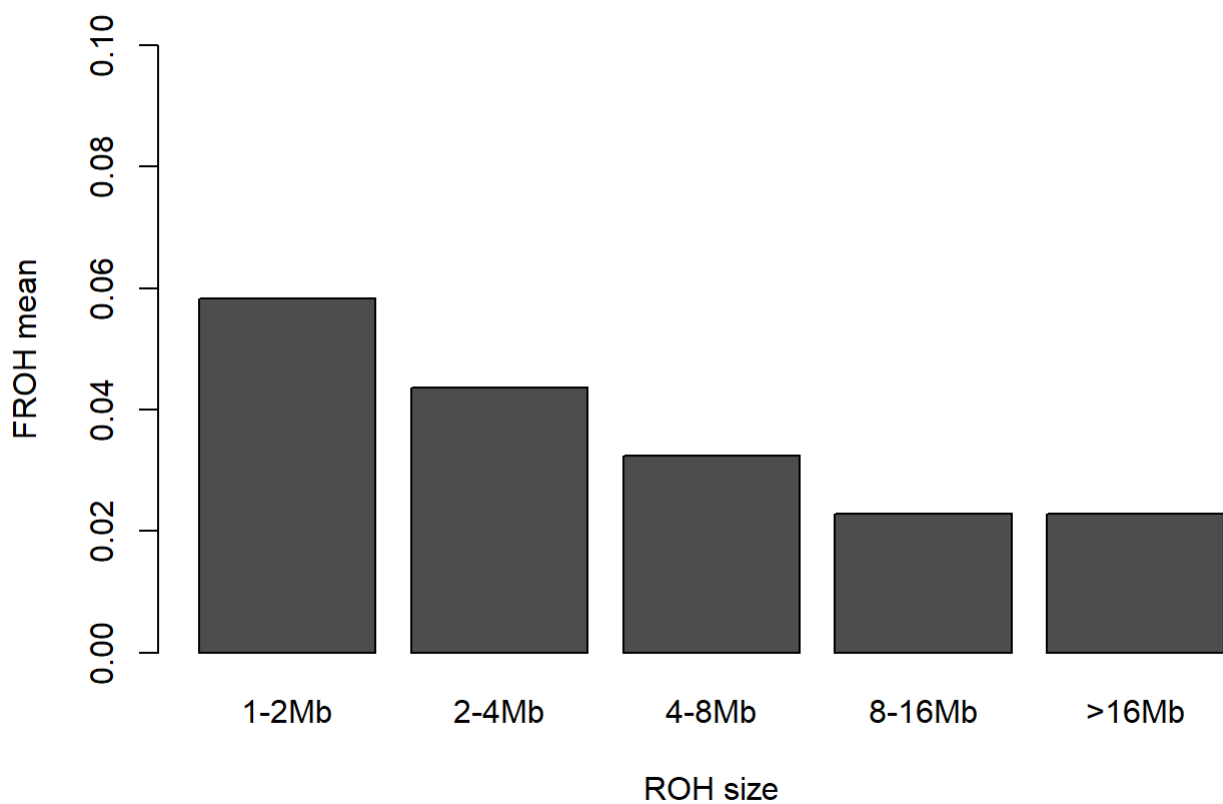
```
#Alguns animais nao tem ROH em algumas classes. Ex.: animal 3 nao tem ROH na classe 5 (acima de >16Kb)
# Por isso, usar a funcao "na.rm = ..."
media<-rbind(mean(froh_class[,1]),mean(froh_class[,2]),mean(froh_class[,3],na.rm=T),mean(froh_class[,
4],na.rm=T),mean(froh_class[,4],na.rm=T))
media<-as.matrix(media)
row.names(media)<-c("1-2Mb","2-4Mb","4-8Mb","8-16Mb",>16Mb")
media
```

```
##           [,1]
## 1-2Mb 0.05832895
## 2-4Mb 0.04366051
## 4-8Mb 0.03239830
## 8-16Mb 0.02288662
## >16Mb 0.02288662
```

```
max(media)
```

```
## [1] 0.05832895
```

```
# Montando o grafico
# Coeficiente de endogamia (FROH) por classe de ROH
barplot(t(media),ylim=c(0,0.1),ylab="FROH mean", xlab="ROH size")
```



5_Trait_FROH.R

Particular

2023-10-04

```
#####  
#### Variacao da caracteristica com a FROH ####  
#####  
  
rm(list=ls())  
options(stringsAsFactors=F)  
  
setwd("D:\\PessoalD\\Doutorado\\Cap 2 ROH\\Tutorial\\1_ROH_FROH")  
  
## Importando o arquivo com a endogamia (FROH) por animal ##  
# Esse arquivo foi obtido com o script 3_Calculo_FROH  
Froh_GW<-read.table("Froh_GW.txt",h=T) # Importando  
dim(Froh_GW) # Numero de Linhas (animais) e colunas
```

```
## [1] 2093 4
```

```
head(Froh_GW) # Visualizando as primeiras 6 Linhas do arquivo
```

```
##   id group      sum Froh_genome  
## 1  1     0 173311902 0.06902866  
## 2  2     0 197876710 0.07881262  
## 3  3     0  83782838 0.03336999  
## 4  4     0 169283907 0.06742434  
## 5  5     0 217854221 0.08676949  
## 6  6     0 269212052 0.10722488
```

```
## Importando o arquivo com os dados fenotipicos ####  
dados=read.table("dados.txt",h=T) # Se o arquivo tiver cabeçalho, usar "h=T", se nao, usar "h=F"  
# Neste caso o arquivo tem duas colunas, identificacao do animal e fenotipo  
head(dados)
```

```
##   id fenotipo  
## 1  1         46  
## 2  2         49  
## 3  3         13  
## 4  4         67  
## 5  5         62  
## 6  6         48
```



```
# Para o proximo passo vamos unir os dois arquivos: endogamia e fenotipo
# Vamos unir pela coluna da identificacao do animal
# Entao, o cabeçalho da coluna de identificacao do animal deve ser o mesmo nos dois arquivos, por exemp
Lo "id"
# Caso seja diferente, podemos usar o comando abaixo para mudar o nome das colunas
# ESSA PARTE NAO E NECESSARIA SE O NOME DAS COLUNAS DOS ANIMAIS JA E IGUAL ENTRE OS ARQUIVOS
# Esses comandos so funcionam se o arquivo for um data.frame
#str(dados) # Para verificar se e um data frame
#dados<-as.data.frame(dados) # Se nao for, esse comando transforma em data.frame
names(dados)[1]<-"id" # A primeira coluna desse arquivo tem os animais e sera nomeada "id"

# Para este exemplo, vamos selecionar do arquivo de Froh a mesma quantidade que temos no arquivo de dad
os usado como exemplo
# Na pratica, com ambos os arquivos completos com todos os animais, nao é necessario selecionar
# Isto é apenas para este exemplo
dim(dados) # tem 50 animais
```

```
## [1] 50 2
```

```
Froh_GW1<-Froh_GW[1:50,] #Vamos selecionar os 50 animais no arquivo de Froh
names(Froh_GW1)[1]<-"id" # A primeira coluna desse arquivo tem os animais e sera nomeada "id"
head(Froh_GW1)
```

```
##   id group      sum Froh_genome
## 1  1     0 173311902  0.06902866
## 2  2     0 197876710  0.07881262
## 3  3     0  83782838  0.03336999
## 4  4     0 169283907  0.06742434
## 5  5     0 217854221  0.08676949
## 6  6     0 269212052  0.10722488
```

```
# Com o comando abaixo, unir os dois arquivos
dados1<-merge(Froh_GW1,dados,by=intersect("id","id")) # unindo os dados pela coluna de id
dim(dados1) # Numero de linhas (animais) comuns entre os dois arquivos (que tem fenotipo e endogamia) e
numero de colunas
```

```
## [1] 50 5
```

```
dados2<-dados1[order(dados1$Froh_genome),] # Ordenando pelo FROH
head(dados2) # Visualizando as primeiras 6 linhas do arquivo
```

```
##   id group      sum Froh_genome fenotipo
## 22 22     0 72635934  0.02893028      31
##  3  3     0  83782838  0.03336999      13
## 27 27     0  91294535  0.03636184      47
## 41 41     0  91448555  0.03642318      20
## 10 10     0  98526528  0.03924228      53
##  9  9     0  98865763  0.03937740      28
```

```
#### Grafico da relacao entre caracteristica e endogamia ####
```

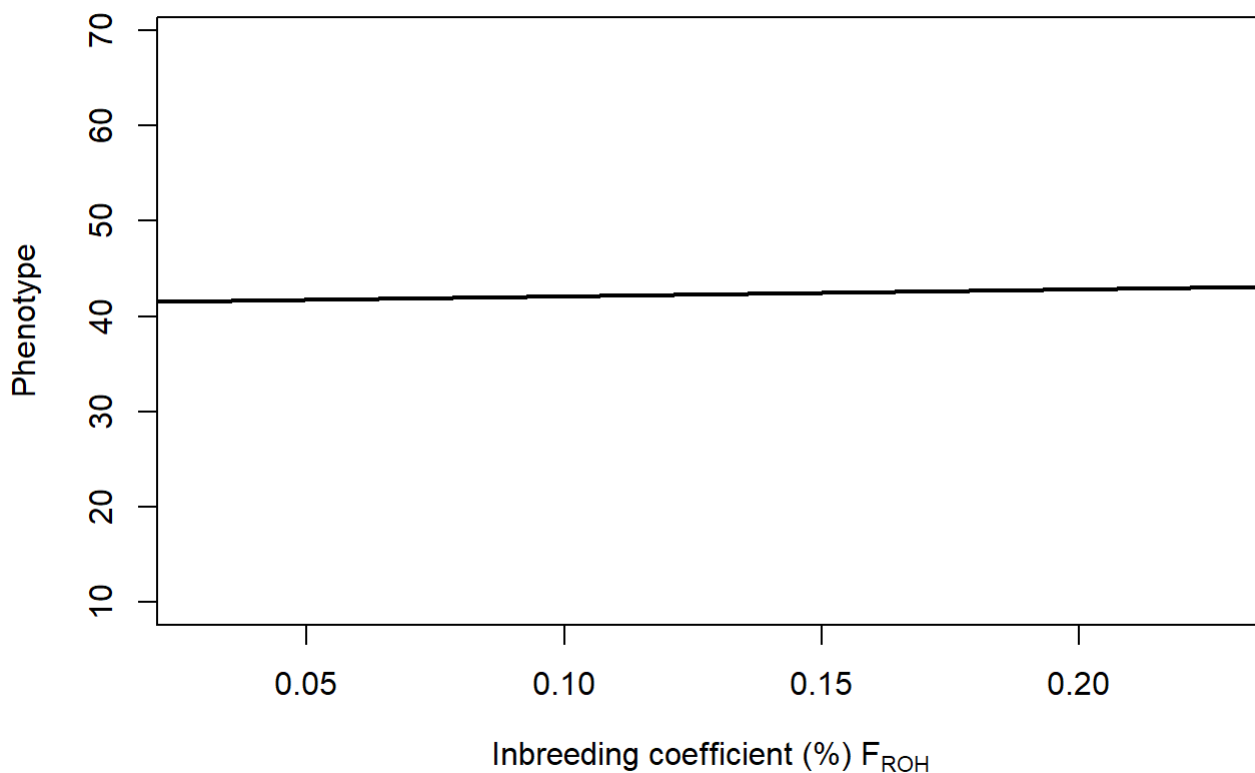
```
# Essa primeira parte e apenas para visualizar a linha de tendencia
colnames(dados2) # Verificando o nome das colunas
```

```
## [1] "id" "group" "sum" "Froh_genome" "fenotipo"
```

```
regressao=lm(fenotipo~Froh_genome,data=dados2) # Criando um arquivo com a regressao da coluna 'fenotipo' em relacao a coluna 'Froh_genome'  
max(dados2$fenotipo) #Para saber o limite maximo do eixo y
```

```
## [1] 69
```

```
# Exemplo hipotetico de variacao de uma caracteristica com o coeficiente de endogamia (FROH)  
plot(dados2$Froh_genome, dados2$fenotipo,type="n", xlab=expression("Inbreeding coefficient (%) F"ROH"),ylab="Phenotype")  
abline(coef(regressao),lty=1,lwd=2)
```



```
# Neste exemplo, o grafico quase nao apresenta variacao  
# Como se a endogamia nao afetasse o fenotipo (nem melhorando, nem piorando)  
# Isso se deve ao fato de que para este exemplo foram usados poucos dados (50 fenotipos)
```

```
#####  
##### Resultados da regressao #####  
# Coeficiente linear, nivel de significancia e outros #  
#####
```

```
# Abaixo tem a descricao dos parametros que podem ser obtidos da analise  
summary(regressao)$coefficients[1] #Retorna o primeiro coeff. = Intercept
```

```
## [1] 41.42539
```

```
summary(regressao)$coefficients[2] #Retorna o segundo coeff. = Linear
```

```
## [1] 7.031833
```

```
sigma(regressao) #Retorna o Residual standard error
```

```
## [1] 17.5491
```

```
summary(regressao)$fstatistic[3] #Retorna os graus de liberdade
```

```
## ddf
```

```
## 48
```

```
summary(regressao)$r.squared #Retorna o R-squared
```

```
## [1] 0.0002077465
```

```
summary(regressao)$adj.r.squared #Retorna o AdjustedR-squared
```

```
## [1] -0.02062126
```

```
summary(regressao)$fstatistic[1] #Retorna a estatística F
```

```
## value
```

```
## 0.009973904
```

```
summary(regressao)$coefficients[8] #Retorna o p-value do coeff. linear
```

```
## [1] 0.9208639
```

```
# Criando um arquivo com todos estes resultados
```

```
geral_results<-rbind((summary(regressao)$coefficients[1]),(summary(regressao)$coefficients[2]),  
                    (sigma(regressao)),(summary(regressao)$fstatistic[3]),(summary(regressao)$r.squared),  
                    (summary(regressao)$adj.r.squared),(summary(regressao)$fstatistic[1]),(summary(regressao)$coefficients[8]))
```

```
row.names(geral_results)<-c("Intercepto","Coeficiente_linear","Desvio_padrao_residual",  
                          "Graus_de_liberdade","R-squared", "R-squared_ajustado",  
                          "F-statistics","p-value")
```

```
geral_results
```

```
##                                dendf
## Intercepto                    41.4253883864
## Coeficiente_linear            7.0318325175
## Desvio_padrao_residual       17.5491027351
## Graus_de_liberdade           48.0000000000
## R-squared                     0.0002077465
## R-squared_ajustado            -0.0206212588
## F-statistics                  0.0099739037
## p-value                       0.9208639387
```

```
# Salvando os resultados
```

```
write.table(geral_results,"resultados_regressao_geral.txt",row.names=T,col.names=F,quote=F,sep="\t")
```

```
#####
# Variacao da caracteristica com a FROH e cada cromossomo ####
#####
```

```
#### Grafico caracteristicas x FROH x cromossomo ####
```

```
# Importando arquivo de endogamiapor cromossomo
```

```
froh_chr<-read.table("Froh_chr.txt",h=T)
```

```
froh_chr[1:5,1:5] # visualizando as primeiras linhas e colunas
```

```
##   id group      Chr_1      Chr_2      Chr_3
## 1  1     0 0.21594607 0.124578646 0.04884054
## 2  2     0 0.04430106 0.138408670 0.41513943
## 3  3     0 0.02855563 0.059688670 0.00009170
## 4  4     0 0.03985968 0.042222508 0.06958319
## 5  5     0 0.22184243 0.008756868 0.01789065
```

```
# Unindo o arquivo de endogamia por cromossomo e fenotipo
```

```
dados3<-merge(froh_chr,dados,by=intersect("id","id"))
```

```
dim(dados3) # Numero de linhas (animais) comuns entre os dois arquivos (que tem fenotipo e endogamia) e
numero de colunas
```

```
## [1] 50 32
```

```
dados3[1:5,1:5] # visualizando as primeiras linhas e colunas
```

```
##   id group      Chr_1      Chr_2      Chr_3
## 1  1     0 0.21594607 0.124578646 0.04884054
## 2  2     0 0.04430106 0.138408670 0.41513943
## 3  3     0 0.02855563 0.059688670 0.00009170
## 4  4     0 0.03985968 0.042222508 0.06958319
## 5  5     0 0.22184243 0.008756868 0.01789065
```

```
colnames(dados3)
```

```
## [1] "id"      "group"    "Chr_1"    "Chr_2"    "Chr_3"    "Chr_4"
## [7] "Chr_5"    "Chr_6"    "Chr_7"    "Chr_8"    "Chr_9"    "Chr_10"
## [13] "Chr_11"   "Chr_12"   "Chr_13"   "Chr_14"   "Chr_15"   "Chr_16"
## [19] "Chr_17"   "Chr_18"   "Chr_19"   "Chr_20"   "Chr_21"   "Chr_22"
## [25] "Chr_23"   "Chr_24"   "Chr_25"   "Chr_26"   "Chr_27"   "Chr_28"
## [31] "Chr_29"   "fenotipo"
```

```
head(dados)
```

```
##   id fenotipo
## 1  1      46
## 2  2      49
## 3  3      13
## 4  4      67
## 5  5      62
## 6  6      48
```

```
head(froh_chr)
```

```
##   id group      Chr_1      Chr_2      Chr_3      Chr_4      Chr_5
## 1  1     0 0.21594607 0.124578646 0.04884054 0.08391452 0.15386698
## 2  2     0 0.04430106 0.138408670 0.41513943 0.09691464 0.04634005
## 3  3     0 0.02855563 0.059688670 0.00009170 0.01020341 0.07271159
## 4  4     0 0.03985968 0.042222508 0.06958319 0.14694807      NA
## 5  5     0 0.22184243 0.008756868 0.01789065 0.23282822 0.17773044
## 6  6     0 0.06301693 0.009213533 0.16547786 0.02671315 0.12968760
##           Chr_6      Chr_7      Chr_8      Chr_9      Chr_10      Chr_11
## 1 0.02014213 0.010174486 0.08387195 0.060867198      NA      NA
## 2 0.06007924 0.023873805 0.01992945 0.051140670 0.06189710 0.18233622
## 3 0.02721340      NA 0.08896271 0.028351651 0.02772251 0.01508080
## 4 0.05013045 0.077458780 0.02013321 0.009824868 0.05518680 0.04244231
## 5 0.01795546 0.009302063 0.04905976 0.050422096 0.15202194 0.06846282
## 6 0.30023230 0.010841819 0.09649080 0.071054343 0.17750809 0.01456146
##           Chr_12      Chr_13      Chr_14      Chr_15      Chr_16      Chr_17
## 1 0.04689745 0.01564366      NA 0.14449982 0.05301023 0.14434868
## 2 0.01168672 0.04001750 0.02466714 0.03068339      NA 0.10039012
## 3 0.05219868 0.01867367 0.17575187 0.02102333      NA 0.04753043
## 4 0.05391799 0.12082356 0.12009246 0.01324843 0.01740586      NA
## 5 0.02326157 0.15956870 0.03960716 0.02718649 0.10279618      NA
## 6 0.01209757 0.04902911 0.16329017 0.19613649 0.01306104 0.02177142
##           Chr_18      Chr_19      Chr_20      Chr_21      Chr_22      Chr_23
## 1 0.03267384      NA 0.029294298 0.000167925 0.001515385 0.08459218
## 2 0.01667810 0.03180139 0.182570542 0.041957728 0.093116791 0.08821302
## 3 0.04587168 0.12649567 0.009237833      NA 0.002363702      NA
## 4      NA 0.07202315 0.124747523      NA 0.027250368 0.03176840
## 5 0.04572153 0.10821356 0.029294298      NA 0.185221382 0.23624033
## 6 0.33123595 0.14377281 0.251036966      NA 0.135560026      NA
##           Chr_24      Chr_25      Chr_26      Chr_27      Chr_28      Chr_29
## 1 0.14722293 0.1955959 0.083423964 0.06188069      NA 0.02484815
## 2 0.05642749      NA      NA      NA      NA 0.21048636
## 3      NA      NA 0.002269424      NA      NA 0.03087911
## 4 0.01992549 0.0906491 0.444015687 0.03930256 0.30995865 0.26718011
## 5 0.06157190      NA 0.002226531 0.41290121 0.04753927 0.04069383
## 6 0.26356830 0.1626485 0.322633909 0.04944903 0.06786912 0.03657717
```

```
#### PLOT PDF Caracteristica x FROH x CHR ####
```

```
# Exemplo hipotetico de variacao de uma caracteristica com o coeficiente de endogamia (FROH) por cromosomo
```

```
pdf("Exemplo_caract_FROH_CHR.pdf",height=27.8,width=50,pointsize=25)  
par(mfrow=c(5,6))
```

```
#### Chr_1
```

```
regressao1<-lm(fenotipo~Chr_1,dados3)  
plot(dados3$Chr_1,dados3$fenotipo,main="BTA1", ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao1),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_2
```

```
regressao2<-lm(fenotipo~Chr_2,dados3)  
plot(dados3$Chr_2,dados3$fenotipo,main="BTA2",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao2),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_3
```

```
regressao3<-lm(fenotipo~Chr_3,dados3)  
plot(dados3$Chr_3,dados3$fenotipo,main="BTA3",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao3),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_4
```

```
regressao4<-lm(fenotipo~Chr_4,dados3)  
plot(dados3$Chr_4,dados3$fenotipo,main="BTA4",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao4),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_5
```

```
regressao5<-lm(fenotipo~Chr_5,dados3)  
plot(dados3$Chr_5,dados3$fenotipo,main="BTA5",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao5),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_6
```

```
regressao6<-lm(fenotipo~Chr_6,dados3)  
plot(dados3$Chr_6,dados3$fenotipo,main="BTA6",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao6),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_7
```

```
regressao7<-lm(fenotipo~Chr_7,dados3)  
plot(dados3$Chr_7,dados3$fenotipo,main="BTA7",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao7),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_8
```

```
regressao8<-lm(fenotipo~Chr_8,dados3)  
plot(dados3$Chr_8,dados3$fenotipo,main="BTA8",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao8),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_9
```

```
regressao9<-lm(fenotipo~Chr_9,dados3)  
plot(dados3$Chr_9,dados3$fenotipo,main="BTA9",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao9),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_10
```

```
regressao10<-lm(fenotipo~Chr_10,dados3)  
plot(dados3$Chr_10,dados3$fenotipo,main="BTA10",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)  
abline(coef(regressao10),lty=1,lwd=2)
```

```
#### Chr_11
```

```
regressao11<-lm(fenotipo~Chr_11,dados3)
```

```
plot(dados3$Chr_11,dados3$fenotipo,main="BTA11",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao11),lty=1,lwd=2)

#### Chr_12
regressao12<-lm(fenotipo~Chr_12,dados3)
plot(dados3$Chr_12,dados3$fenotipo,main="BTA12",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao12),lty=1,lwd=2)

#### Chr_13
regressao13<-lm(fenotipo~Chr_13,dados3)
plot(dados3$Chr_13,dados3$fenotipo,main="BTA13",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao13),lty=1,lwd=2)

#### Chr_14
regressao14<-lm(fenotipo~Chr_14,dados3)
plot(dados3$Chr_14,dados3$fenotipo,main="BTA14",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao14),lty=1,lwd=2)

#### Chr_15
regressao15<-lm(fenotipo~Chr_15,dados3)
plot(dados3$Chr_15,dados3$fenotipo,main="BTA15",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao15),lty=1,lwd=2)

#### Chr_16
regressao16<-lm(fenotipo~Chr_16,dados3)
plot(dados3$Chr_16,dados3$fenotipo,main="BTA16",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao16),lty=1,lwd=2)

#### Chr_17
regressao17<-lm(fenotipo~Chr_17,dados3)
plot(dados3$Chr_17,dados3$fenotipo,main="BTA17",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao17),lty=1,lwd=2)

#### Chr_18
regressao18<-lm(fenotipo~Chr_18,dados3)
plot(dados3$Chr_18,dados3$fenotipo,main="BTA18",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao18),lty=1,lwd=2)

#### Chr_19
regressao19<-lm(fenotipo~Chr_19,dados3)
plot(dados3$Chr_19,dados3$fenotipo,main="BTA19",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao19),lty=1,lwd=2)

#### Chr_20
regressao20<-lm(fenotipo~Chr_20,dados3)
plot(dados3$Chr_20,dados3$fenotipo,main="BTA20",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao20),lty=1,lwd=2)

#### Chr_21
regressao21<-lm(fenotipo~Chr_21,dados3)
plot(dados3$Chr_21,dados3$fenotipo,main="BTA21",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao21),lty=1,lwd=2)

#### Chr_22
regressao22<-lm(fenotipo~Chr_22,dados3)
plot(dados3$Chr_22,dados3$fenotipo,main="BTA22",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao22),lty=1,lwd=2)

#### Chr_23
regressao23<-lm(fenotipo~Chr_23,dados3)
```

```
plot(dados3$Chr_23,dados3$fenotipo,main="BTA23",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao23),lty=1,lwd=2)

#### Chr_24
regressao24<-lm(fenotipo~Chr_24,dados3)
plot(dados3$Chr_24,dados3$fenotipo,main="BTA24",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao24),lty=1,lwd=2)

#### Chr_25
regressao25<-lm(fenotipo~Chr_25,dados3)
plot(dados3$Chr_25,dados3$fenotipo,main="BTA25",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao25),lty=1,lwd=2)

#### Chr_26
regressao26<-lm(fenotipo~Chr_26,dados3)
plot(dados3$Chr_26,dados3$fenotipo,main="BTA26",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao26),lty=1,lwd=2)

#### Chr_27
regressao27<-lm(fenotipo~Chr_27,dados3)
plot(dados3$Chr_27,dados3$fenotipo,main="BTA27",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao27),lty=1,lwd=2)

#### Chr_28
regressao28<-lm(fenotipo~Chr_28,dados3)
plot(dados3$Chr_28,dados3$fenotipo,main="BTA28",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao28),lty=1,lwd=2)

#### Chr_29
regressao29<-lm(fenotipo~Chr_29,dados3)
plot(dados3$Chr_29,dados3$fenotipo,main="BTA29",ylim=c(10,70),type="n", xlab="",ylab="",cex.main=1.8)
abline(coef(regressao29),lty=1,lwd=2)

#par(xpd=TRUE)
#Legend("top",inset=c(0,-0.1),horiz=T,c("regressao"),lty=1, bty="n",Lwd=2)

dev.off()
```

```
## png
## 2
```


#####

Se ja conferiu o script para todos os cromossomo, segue a dica:
Clicar na setinha que fica do lado esquerdo (ao lado do titulo): PLOT PDF regressao x FROH x CHR
Isso vai reduzir todos os comandos a apenas uma linha
Fica mais facil para selecionar a linha e rodar tudo de uma vez
E mais facil do que ficar selecionando o script todo ate o ultimo CHR

#####

Resultados da regressao por cromossomo #####
Coeficiente Linear, nivel de significancia e outros #
#####

Resultados por cromossomo

```
chr1<-rbind((summary(regressao1)$coefficients[1]),(summary(regressao1)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao1)),(summary(regressao1)$fstatistic[3]),(summary(regressao1)$r.squared),  
            (summary(regressao1)$adj.r.squared),(summary(regressao1)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
1)$coefficients[8]))
```

```
chr2<-rbind((summary(regressao2)$coefficients[1]),(summary(regressao2)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao2)),(summary(regressao2)$fstatistic[3]),(summary(regressao2)$r.squared),  
            (summary(regressao2)$adj.r.squared),(summary(regressao2)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
2)$coefficients[8]))
```

```
chr3<-rbind((summary(regressao3)$coefficients[1]),(summary(regressao3)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao3)),(summary(regressao3)$fstatistic[3]),(summary(regressao3)$r.squared),  
            (summary(regressao3)$adj.r.squared),(summary(regressao3)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
3)$coefficients[8]))
```

```
chr4<-rbind((summary(regressao4)$coefficients[1]),(summary(regressao4)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao4)),(summary(regressao4)$fstatistic[3]),(summary(regressao4)$r.squared),  
            (summary(regressao4)$adj.r.squared),(summary(regressao4)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
4)$coefficients[8]))
```

```
chr5<-rbind((summary(regressao5)$coefficients[1]),(summary(regressao5)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao5)),(summary(regressao5)$fstatistic[3]),(summary(regressao5)$r.squared),  
            (summary(regressao5)$adj.r.squared),(summary(regressao5)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
5)$coefficients[8]))
```

```
chr6<-rbind((summary(regressao6)$coefficients[1]),(summary(regressao6)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao6)),(summary(regressao6)$fstatistic[3]),(summary(regressao6)$r.squared),  
            (summary(regressao6)$adj.r.squared),(summary(regressao6)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
6)$coefficients[8]))
```

```
chr7<-rbind((summary(regressao7)$coefficients[1]),(summary(regressao7)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao7)),(summary(regressao7)$fstatistic[3]),(summary(regressao7)$r.squared),  
            (summary(regressao7)$adj.r.squared),(summary(regressao7)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
7)$coefficients[8]))
```

```
chr8<-rbind((summary(regressao8)$coefficients[1]),(summary(regressao8)$coefficients[2]),  
            (sigma(regressao8)),(summary(regressao8)$fstatistic[3]),(summary(regressao8)$r.squared),  
            (summary(regressao8)$adj.r.squared),(summary(regressao8)$fstatistic[1]),(summary(regressao  
8)$coefficients[8]))
```

```
chr9<-rbind((summary(regressao9)$coefficients[1]),(summary(regressao9)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao9)),(summary(regressao9)$fstatistic[3]),(summary(regressao9)$r.squared),
            (summary(regressao9)$adj.r.squared),(summary(regressao9)$fstatistic[1]),(summary(regressao
9)$coefficients[8]))

chr10<-rbind((summary(regressao10)$coefficients[1]),(summary(regressao10)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao10)),(summary(regressao10)$fstatistic[3]),(summary(regressao10)$r.square
d),
            (summary(regressao10)$adj.r.squared),(summary(regressao10)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao10)$coefficients[8]))

chr11<-rbind((summary(regressao11)$coefficients[1]),(summary(regressao11)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao11)),(summary(regressao11)$fstatistic[3]),(summary(regressao11)$r.square
d),
            (summary(regressao11)$adj.r.squared),(summary(regressao11)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao11)$coefficients[8]))

chr12<-rbind((summary(regressao12)$coefficients[1]),(summary(regressao12)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao12)),(summary(regressao12)$fstatistic[3]),(summary(regressao12)$r.square
d),
            (summary(regressao12)$adj.r.squared),(summary(regressao12)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao12)$coefficients[8]))

chr13<-rbind((summary(regressao13)$coefficients[1]),(summary(regressao13)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao13)),(summary(regressao13)$fstatistic[3]),(summary(regressao13)$r.square
d),
            (summary(regressao13)$adj.r.squared),(summary(regressao13)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao13)$coefficients[8]))

chr14<-rbind((summary(regressao14)$coefficients[1]),(summary(regressao14)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao14)),(summary(regressao14)$fstatistic[3]),(summary(regressao14)$r.square
d),
            (summary(regressao14)$adj.r.squared),(summary(regressao14)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao14)$coefficients[8]))

chr15<-rbind((summary(regressao15)$coefficients[1]),(summary(regressao15)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao15)),(summary(regressao15)$fstatistic[3]),(summary(regressao15)$r.square
d),
            (summary(regressao15)$adj.r.squared),(summary(regressao15)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao15)$coefficients[8]))

chr16<-rbind((summary(regressao16)$coefficients[1]),(summary(regressao16)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao16)),(summary(regressao16)$fstatistic[3]),(summary(regressao16)$r.square
d),
            (summary(regressao16)$adj.r.squared),(summary(regressao16)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao16)$coefficients[8]))

chr17<-rbind((summary(regressao17)$coefficients[1]),(summary(regressao17)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao17)),(summary(regressao17)$fstatistic[3]),(summary(regressao17)$r.square
d),
            (summary(regressao17)$adj.r.squared),(summary(regressao17)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao17)$coefficients[8]))

chr18<-rbind((summary(regressao18)$coefficients[1]),(summary(regressao18)$coefficients[2]),
            (sigma(regressao18)),(summary(regressao18)$fstatistic[3]),(summary(regressao18)$r.square
d),
            (summary(regressao18)$adj.r.squared),(summary(regressao18)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao18)$coefficients[8]))

chr19<-rbind((summary(regressao19)$coefficients[1]),(summary(regressao19)$coefficients[2]),
```

```
(sigma(regressao19)), (summary(regressao19)$fstatistic[3]), (summary(regressao19)$r.square
d),
(summary(regressao19)$adj.r.squared), (summary(regressao19)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao19)$coefficients[8]))

chr20<-rbind((summary(regressao20)$coefficients[1]), (summary(regressao20)$coefficients[2]),
(sigma(regressao20)), (summary(regressao20)$fstatistic[3]), (summary(regressao20)$r.square
d),
(summary(regressao20)$adj.r.squared), (summary(regressao20)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao20)$coefficients[8]))

chr21<-rbind((summary(regressao21)$coefficients[1]), (summary(regressao21)$coefficients[2]),
(sigma(regressao21)), (summary(regressao21)$fstatistic[3]), (summary(regressao21)$r.square
d),
(summary(regressao21)$adj.r.squared), (summary(regressao21)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao21)$coefficients[8]))

chr22<-rbind((summary(regressao22)$coefficients[1]), (summary(regressao22)$coefficients[2]),
(sigma(regressao22)), (summary(regressao22)$fstatistic[3]), (summary(regressao22)$r.square
d),
(summary(regressao22)$adj.r.squared), (summary(regressao22)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao22)$coefficients[8]))

chr23<-rbind((summary(regressao23)$coefficients[1]), (summary(regressao23)$coefficients[2]),
(sigma(regressao23)), (summary(regressao23)$fstatistic[3]), (summary(regressao23)$r.square
d),
(summary(regressao23)$adj.r.squared), (summary(regressao23)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao23)$coefficients[8]))

chr24<-rbind((summary(regressao24)$coefficients[1]), (summary(regressao24)$coefficients[2]),
(sigma(regressao24)), (summary(regressao24)$fstatistic[3]), (summary(regressao24)$r.square
d),
(summary(regressao24)$adj.r.squared), (summary(regressao24)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao24)$coefficients[8]))

chr25<-rbind((summary(regressao25)$coefficients[1]), (summary(regressao25)$coefficients[2]),
(sigma(regressao25)), (summary(regressao25)$fstatistic[3]), (summary(regressao25)$r.square
d),
(summary(regressao25)$adj.r.squared), (summary(regressao25)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao25)$coefficients[8]))

chr26<-rbind((summary(regressao26)$coefficients[1]), (summary(regressao26)$coefficients[2]),
(sigma(regressao26)), (summary(regressao26)$fstatistic[3]), (summary(regressao26)$r.square
d),
(summary(regressao26)$adj.r.squared), (summary(regressao26)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao26)$coefficients[8]))

chr27<-rbind((summary(regressao27)$coefficients[1]), (summary(regressao27)$coefficients[2]),
(sigma(regressao27)), (summary(regressao27)$fstatistic[3]), (summary(regressao27)$r.square
d),
(summary(regressao27)$adj.r.squared), (summary(regressao27)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao27)$coefficients[8]))

chr28<-rbind((summary(regressao28)$coefficients[1]), (summary(regressao28)$coefficients[2]),
(sigma(regressao28)), (summary(regressao28)$fstatistic[3]), (summary(regressao28)$r.square
d),
(summary(regressao28)$adj.r.squared), (summary(regressao28)$fstatistic[1]), (summary(regress
ao28)$coefficients[8]))

chr29<-rbind((summary(regressao29)$coefficients[1]), (summary(regressao29)$coefficients[2]),
```

```
(sigma(regressao29)),(summary(regressao29)$fstatistic[3]),(summary(regressao29)$r.square
d),
(summary(regressao29)$adj.r.squared),(summary(regressao29)$fstatistic[1]),(summary(regress
ao29)$coefficients[8]))

#### Unindo os resultados ####
results<-rbind(chr1,chr2,chr3,chr4,chr5,chr6,chr7,chr8,chr9,chr10,
chr11,chr12,chr13,chr14,chr15,chr16,chr17,chr18,chr19,
chr20,chr21,chr22,chr23,chr24,chr25,chr26,chr27,chr28,chr29)
rownames(results)<-rep(c("Intercepto","Coeficiente_linear","Desvio_padrao_residual",
"Graus_de_liberdade","R-squared","R-squared_ajustado",
"F-statistics","p-value"),29)

dim(results)
```

```
## [1] 232 1
```

```
cromossomo<-c(rep(1,8),rep(2,8),rep(3,8),rep(4,8),rep(5,8),rep(6,8),rep(7,8),rep(8,8),
rep(9,8),rep(10,8),rep(11,8),rep(12,8),rep(13,8),rep(14,8),rep(15,8),
rep(16,8),rep(17,8),rep(18,8),rep(19,8),rep(20,8),rep(21,8),rep(22,8),
rep(23,8),rep(24,8),rep(25,8),rep(26,8),rep(27,8),rep(28,8),rep(29,8))

cromossomo
```

```
## [1] 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 3 3 3 3 3 3 3
## [24] 3 4 4 4 4 4 4 4 4 5 5 5 5 5 5 5 5 6 6 6 6 6 6
## [47] 6 6 7 7 7 7 7 7 7 8 8 8 8 8 8 8 8 9 9 9 9 9
## [70] 9 9 9 10 10 10 10 10 10 10 11 11 11 11 11 11 11 12 12 12 12
## [93] 12 12 12 12 13 13 13 13 13 13 13 14 14 14 14 14 14 14 15 15 15
## [116] 15 15 15 15 16 16 16 16 16 16 16 17 17 17 17 17 17 17 18 18
## [139] 18 18 18 18 18 19 19 19 19 19 19 19 20 20 20 20 20 20 20 21
## [162] 21 21 21 21 21 21 22 22 22 22 22 22 22 23 23 23 23 23 23 23
## [185] 24 24 24 24 24 24 24 25 25 25 25 25 25 25 26 26 26 26 26 26
## [208] 26 27 27 27 27 27 27 27 28 28 28 28 28 28 28 29 29 29 29
## [231] 29 29
```

```
length(cromossomo)
```

```
## [1] 232
```

```
results<-cbind(results,cromossomo)
head(results)
```

```
##                dendf cromossomo
## Intercepto      38.70465258      1
## Coeficiente_linear 54.80739557      1
## Desvio_padrao_residual 16.86296721      1
## Graus_de_liberdade 47.00000000      1
## R-squared        0.05561729      1
## R-squared_ajustado 0.03552404      1
```

```
# Salvando
write.table(results,"resultados_regressao_cromossomo.txt",row.names=T,col.names=F,quote=F,sep="\t")
```

6_ManhattanPlot_FST.R

Particular

2023-10-04

```
#####  
##  
#### Montando o grafico de Manhattan Plot baseado no criterio de FST ####  
##  
#####  
  
rm(list = ls())  
  
# R Code to create Manhattan plots - FST  
setwd("D:\\PessoalD\\Doutorado\\Cap 2 ROH\\Tutorial\\1_ROH_FROH")  
# Mudar o nome do arquivo abaixo se for necessario  
zzz<-read.table("roh_out_arquivo123.fst",skip=1,h=F)  
head(zzz);tail(zzz)
```

```
##      V1          V2      V3  V4          V5  
## 1  1 BovineHD0100046367  89725 645 -6.51297e-05  
## 2  1 BovineHD0100000035 120183 645  2.31457e-03  
## 3  1 BovineHD0100000039 146011 645 -1.09317e-03  
## 4  1 BovineHD0100000040 147231 645 -8.27694e-04  
## 5  1 BovineHD0100000042 149772 645 -8.09954e-04  
## 6  1 BovineHD0100000043 151060 645  1.74824e-02
```

```
##      V1          V2      V3  V4          V5  
## 380937 29 BovineHD2900014962 51452986 645  0.02607780  
## 380938 29 BovineHD2900014964 51468335 645  0.00437249  
## 380939 29 BovineHD2900014966 51473944 645 -0.00131219  
## 380940 29 BovineHD2900014968 51476452 645 -0.00154037  
## 380941 29 BovineHD2900015102 51499351 645 -0.00122083  
## 380942 29 ARS-BFGL-NGS-29340 51502868 645  0.02055440
```

```
dim(zzz)
```

```
## [1] 380942      5
```

```
zzz$V2<-seq(1,nrow(zzz)) #Atribuindo numeros aos SNPS
```

```
#As estimativas de FST tem alguns valores negativos que devem ser considerados como 0 (zero)
```

```
zzz$V5[zzz$V5<0]<-0
```

```
head(zzz);tail(zzz)
```

```
##      V1 V2      V3  V4          V5  
## 1  1  1  89725 645 0.00000000  
## 2  1  2 120183 645 0.00231457  
## 3  1  3 146011 645 0.00000000  
## 4  1  4 147231 645 0.00000000  
## 5  1  5 149772 645 0.00000000  
## 6  1  6 151060 645 0.01748240
```

```
##      V1      V2      V3  V4      V5
## 380937 29 380937 51452986 645 0.02607780
## 380938 29 380938 51468335 645 0.00437249
## 380939 29 380939 51473944 645 0.00000000
## 380940 29 380940 51476452 645 0.00000000
## 380941 29 380941 51499351 645 0.00000000
## 380942 29 380942 51502868 645 0.02055440
```

```
max(zzz$V5)
```

```
## [1] 0.167133
```

```
n=nrow(zzz)
x=zzz[,2] # Coluna de SNPs
y<-zzz[,5] # Estimativas de FST
chr1=zzz[,1] # Cromossomo
chr<-NULL
pos=NULL
for(i in unique(zzz$V1)){
  zz=zzz[zzz$V1==i,]
  key=as.numeric(row.names(zz))
  medio=round(nrow(zz)/2,0)
  z=key[medio]
  pos=c(pos,z)
}
chnr=unique(zzz$V1)
one  = which(chr1%%4==0)
two  = which(chr1%%4==1)
three = which(chr1%%4==2)
four  = which(chr1%%4==3)
chr[one]="darkgoldenrod"
chr[two]="darkorchid"
chr[three]="blue"
chr[four]="forestgreen"
pdf(file="ManhattanPlot_FST.pdf",family="sans",height=27.8,width=50,pointsize=50,bg="white")
plot(x,y,main="Manhattan plot for the 'Phenotype'",xlab="Chromosome",ylab=expression("F"[ST]),xlim=c(1,
n),ylim=c(0,max(y)),xaxt="n",pch=20,col=chr) #yaxt="n",
abline(h=0.15,col="red") # Linha de threshold
axis(1,at=pos,labels=chnr) #,cex.axis=1.5
dev.off()
```

```
## png
## 2
```

```
#### Verificando SNPs acima de 0,15 ou 0,25 (valor de FST)
max(zzz$V5)
```

```
## [1] 0.167133
```

```
novo=zzz[zzz$V5>0.15,]
dim(novo)
```

```
## [1] 11 5
```

novo

```
##      V1      V2      V3 V4      V5
## 194566 11 194566 49352635 645 0.160739
## 194567 11 194567 49370261 645 0.157701
## 239133 14 239133 68984866 645 0.151459
## 239143 14 239143 69035621 645 0.159822
## 239145 14 239145 69042539 645 0.152323
## 263590 16 263590 60560912 645 0.150992
## 297514 19 297514 61970518 645 0.165203
## 313218 21 313218 32479895 645 0.160308
## 374570 29 374570 4131935 645 0.167133
## 374580 29 374580 4189542 645 0.155218
## 374581 29 374581 4205711 645 0.155218
```

```
assinaturas<-as.data.frame(table(novo$V1))
write.table(assinaturas, "Assinaturas_de_selecao.txt",quote=F,row.names=F,col.names=T)
```