

# Raquel Gardini Sanches Palasio



Bióloga, Doutoranda em Epidemiologia, Faculdade de Saúde Pública, USP

Título da tese: Padrão de distribuição da diversidade genética molecular e espacial de *Biomphalaria* e sua relação com a ocorrência da esquistossomose, região do médio Paranapanema, Estado de São Paulo.

Orientada pelo Prof Dr. Francisco Chiaravalloti Neto e pela pesquisadora da Sucen Dr. Roseli Tuan.

Meus [exec](#)

## Proposta de Trabalho Final

### Proposta A

Uma função irá organizar sequência(s) nucleotídica(s) e as informações destas em um arquivo *.txt* selecionado a partir de uma pasta do computador do usuário.

#### Objetos e argumentos de entrada e saída

As opções de entrada conteriam um vetor, com os códigos das sequências que queira selecionar e a pasta onde as mesmas estarão. Estas devem estar em formato *.fasta* com o mesmo nome ou parte do nome da sequência dada no vetor. E uma *.data.frame* com as informações da espécie, localidade, data da coleta e coordenadas nas colunas, uma delas com os mesmos códigos das sequências, não precisando ser do mesmo tamanho que o vetor.

A função retornaria um arquivo *.txt*, como abaixo:

```
">766_Bg_Our [organism=Biomphalaria glabrata] cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence; mitochondrial [Specimen Voucher=LBMSU766] [country=Brazil: Sao Paulo: Ourinhos:
Corrego Christoni] [collection date= jun, 2015] [Lat-Lon=-22.967361,-49.874194]"
TTATCATTATTGATTTCGTTTGGAGCTTGGTACTACTC....
```

```
">788_Bg_Our [organ...."
```

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/WebSub/html/help/fast.html>

Para isso pretendo usar o pacote *pegas* que tem a função `read.dna` para ler os arquivos *fastas*. A função `list.files` e `grep`, para encontrar a pasta e selecionar o arquivo com parte do nome. Pensei em dar uma opção de qual gene irá aparecer no arquivo final se a pessoa não escrever nada (seria `gene="COI"` : cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial sequence; mitochondrial) ou na entrada terá que ser escrito.

## Uso da função

O arquivo que a função retornará poderá ser utilizado para ajudar a depositar as sequências em um banco de dados como o NCBI-GenBank. Pois neste formato o banco de dados lê automaticamente, e você não precisará adicionar as informações uma a uma, poupando tempo. E mesmo para arrumar os arquivos *fasta* irá ajudar, bastando colocar todas as sequências em uma pasta e um arquivo com todas essas informações. E com essa função é possível selecionar apenas algumas sequências de interesse de forma mais simples.

## Proposta B

Uma função irá procurar a temperatura ou precipitação etc... de um data frame para outro. E fazer uma regressão linear. A função retornará um plot e os coeficientes da regressão.

### Objetos e argumentos de entrada e saída

Para isso o usuário deve fornecer dois arquivos de entrada, ambos *data.frame*, não precisa ser de mesmo tamanho. Um com os dados observados com as datas das coletas nas colunas e outro *data.frame* com dados climáticos com datas e variáveis preditoras nas colunas. Ex. temperatura ou precipitação. O usuário deverá informar qual coluna e a variável que será estudada.

Para isso pretendo em usar a função *merge*, para selecionar os dados de uma planilha para outra.

Pensei em adicionar na função a espécie e com isso fazer um plot para cada espécie com a linha da regressão, coeficiente de cada e o p-valor, e retornando uma tabela com esses valores.

## Uso da função

A possibilidade de fazer uma regressão com temperatura ou outra variável de um banco de dados externo confiável. Em casos que não foi feito a medição na hora da coleta. Também podem ser utilizadas outras variáveis preditoras como média de precipitação etc. Exemplo: Tenho os dados da quantidade de certa espécie coletada em determinada data. Com isso consigo achar a temperatura daquele dia ou do mês. Com dados previamente baixado de um site meteorológico. Para isso, não preciso encontrar uma a uma, mas a função me retornará todas de uma vez, e também fará uma regressão para ver se há relação entre as variáveis.

Oi Raquel,

achei sua proposta A muito boa, e parece que vc já sabe como prosseguir, então manda bala. Não se esqueça de colocar no help um exemplo que rode, caso o exemplo precise de arquivos, coloque algum arquivo de exemplo acompanhando sua função pra gente conseguir conferir se

ela roda.

—[Danilo G Muniz](#)

# Trabalho Final - Proposta A

## Função genbank

```
genbank <- function(x, pasta, gene, primer, n, organism=NULL, voucher=NULL,
country=NULL, state=NULL, municipio=NULL, local=NULL, collection_date=NULL,
Lat=NULL, Lon=NULL)
{
  require(pegas) ### tem a função read.dna, precisa estar instalado antes
  library(pegas) ### carregar o pacote
  list<- list.files( pasta, pattern= primer) ## lista na minha pasta os
arquivos com uma certa palavra, que aqui e o primer.
  ##### conferir se ha arquivo fasta com o nome de x
  for (i in 1:length(x))
  {
    seq <- grep (c(x[i]), list)
    if(length(seq)==0)
    {stop("Na pasta informada esta faltando arquivo com os valores de x= ",
x[i] )
    }
    else{
      for (i in 1:length(x))
      {
        seq <- list[grep(c(x[i]), list)]
        conferir <- seq[grep("fasta", seq)]
        if(length(conferir)==0)
        {stop("Na pasta informada esta faltando arquivo no formato fasta,
com os valores de x= ", x[i] )
        }
      }
    }
  }

  ##### etapa para conferir se na minha pasta tem os arquivos que preciso para
a função
  arquivo <- list[grep("fasta", list)] ### lista os arquivos com fasta, no
arquivo nomeado list
  if(length(arquivo)<length(x)) ### se o tamanho do arquivo for menor que a
quantidade x a função para
  {
    falta <- length(x)-length(arquivo)
    stop("Na pasta informada esta faltando ", falta," arquivo fasta, tem ",
```

```
length(x), " de valor de entrada e ", length(list), " arquivos fasta") ###
para a função caso esteja faltando fasta na pasta
}
### começando a função
results <- rep(NA,length(x)) ## arquivos vazios para rodar o for
name <- rep(NA,length(x))
dado <- rep(NA,length(x))
for (i in 1:length(x))
{
  seq <- list[grep(c(x[i]), list)] ##### procurar no vetor list ( com a
função grep), os valores de x
  fasta <- seq[grep("fasta", seq)] ##### procurar no vetor seq, os valores
com fasta no nome
  pop <- read.dna(fasta, format="fasta") ### ler a sequencia em formato
fasta com o nome selecionado
  y <- paste(pop, collapse = "") ##### juntar todas as bases hidrogenadas
em um único carácter
  results[i] <- y ##### colocar as sequencias no vetor results
  name[i] <- paste(">",x[i], collapse = "", sep="") ### adicionar o nome
da sequencia, preciso do ">", para a saída ser um formato fasta, e mais o
valor do x de cada sequencia
  dado<- strwrap(paste(name, results)) ### juntar o nome e a sequencia,
separando-os por um quebra linha por isso que usei a função strwrap,
necessário para manter o formato fasta
}
### gene COI
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state) & is.null(country)&
is.null(organism)) ### para dados faltantes
{if(gene=="COI") ### selecionar o gene COI
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," cytochrome oxidase
subunit I (COI) gene, partial sequence;mitochondrial", collapse = "",
sep="") ### substituir o nome que tenha o mesmo valor de x, com mais
informações, no caso apenas que e COI
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com o nome COI_result, do gene COI") ### informar que foi
salvo o arquivo com n sequencias
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) } ### salvar um arquivo txt
na pasta do Working Directory do R
}
##### Fiz o "if" para as possibilidade da dados faltantes e um com todas as
informações que pode ter a função: especie, localidade, lat-long etc...., e
depois fiz o mesmo para o gene 16s, e um com um outro gene que o usuário
queira colocar, com suas possibilidades de informações de entrada.
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state) & is.null(country))
### para dados faltantes
```

```

{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com o nome COI_result, com a especie, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state)) ### para dados
faltantes
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],"]" , collapse = "",
sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com o nome COI_result, com a especie e pais, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date)) ### para dados faltantes
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=",
country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],"]" , collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com o nome COI_result, com a espécie, pais e estado, do
gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon)) ### para dados faltantes
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=",
country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],"]" , " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
}
}
}

```

```
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
  área de trabalho com o nome COI_result, com nome da especie, pais e data de
  coleta, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher)& is.null(local) & is.null(Lat) & is.null(Lon)) ###
para dado faltante
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],
":", municipio[n==x[i]],"]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]],
"]", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
  área de trabalho, com o nome COI_result, com nome da especie, pais,
  município e data de coleta, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)) ### para dados
faltantes
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=",
country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],"]" , " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]", " [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",",
Lon[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
  área de trabalho, sem Voucher, município e local, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(local)) ### para dados faltantes
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],
":", municipio[n==x[i]],"]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]],
"]", " [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",", Lon[n==x[i]], "]", collapse = "",
sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
```

```

área de trabalho, sem Voucher e local, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(Lat) & is.null(Lon)) ### para dado faltante
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],
":", municipio[n==x[i]],":", local[n==x[i]],"]" , " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher e latitude e longitude, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher)) ### para dados faltantes
{if(gene=="COI")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],
":", municipio[n==x[i]], ":", local[n==x[i]], "]" , " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]", " [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",",
Lon[n==x[i]], "]" , collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher, do gene COI")
  return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
}
#### PARA TODOS OS CAMPOS
else
{
  if(gene=="COI")
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial
sequence;mitochondrial", " [Specimen Voucher=", voucher[n==x[i]], "],"
[country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":", municipio[n==x[i]],
":", local[n==x[i]], "]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]],
"]", " [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",", Lon[n==x[i]], "]" , collapse = "",
sep="")
  }
    cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, do gene COI")
    return( write(dado, file="COI_result.txt")) }
  }
}
#### 16S ####

```

```
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state) & is.null(country)&
is.null(organism)) ### para dados faltantes
{if(gene=="16S")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence; mitochondrial", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com o nome 16S_result, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state) & is.null(country))
### para dados faltantes
{if(gene=="16S")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com o nome 16S_result, com a especie, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state)) ### para dados
faltantes
{if(gene=="16S")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],"]" , collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
area de trabalho com o nome 16S_result, com a especie e pais, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date)) ### para dados faltantes
{if(gene=="16S")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],"]" ,
collapse = "", sep="")
}
```

```

}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
  área de trabalho com o nome 16S_result, com a especie, pais e estado, do
  gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
}
  if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
  is.null(Lon)) ### para dado faltante
  {if(gene=="16S")
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
  organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
  mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],"]" , "
  [collection date=",collection_date[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
  }
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
  área de trabalho com o nome 16S_result, com nome da especie, pais e data de
  coleta, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
  }
  if(is.null(voucher)& is.null(local) & is.null(Lat) & is.null(Lon)) ###
  para dado faltante
  {if(gene=="16S")
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
  organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
  mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":",
  municipio[n==x[i]],"]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]], "]",
  collapse = "", sep="")
  }
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
  área de trabalho, com o nome 16S_result, com nome da especie, pais,
  municipio e data de coleta, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
  }
  if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)) ### para dados
  faltantes
  {if(gene=="16S")
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
  organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
  mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]],"]" , "
  [collection date=",collection_date[n==x[i]], "]", " [Lat-Lon=",
  Lat[n==x[i]], ",", Lon[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
  }
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
  área de trabalho, sem Voucher, município e local, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
  }

```

```
}
if(is.null(voucher) & is.null(local)) ### para dado faltante
{if(gene=="16S")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":",
municipio[n==x[i]],"]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]], "]",
" [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",", Lon[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher e local, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher) & is.null(Lat) & is.null(Lon)) ### para dados
faltantes
{if(gene=="16S")
{for (i in 1:length(x))
{
  dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":",
municipio[n==x[i]],":", local[n==x[i]],"]" , " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher e latitude e longitude, do gene 16S")
  return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
}
if(is.null(voucher))
{
  if(gene=="16S")
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial", " [country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":",
municipio[n==x[i]],":", local[n==x[i]], "]", " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]", " [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",",
Lon[n==x[i]], "]", collapse = "", sep="")
  }
    cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher do gene 16S")
    return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
  }
  ### tudo
  if(gene=="16S")
  {for (i in 1:length(x))
  {
```

```

    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ," 16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial", " [Specimen Voucher=", voucher[n==x[i]], "]" ," [country=",
country[n==x[i]], ":" ,state[n==x[i]], ":" , municipio[n==x[i]], ":" ,
local[n==x[i]], "]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]], "]" , "
[Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], "," , Lon[n==x[i]], "]" , collapse = "" , sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, do gene 16S")
return( write(dado, file="16S_result.txt")) }
#### outro gene
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state) & is.null(country)
& is.null(organism)) ### para dado faltante
{for (i in 1:length(x))
{
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i],gene, collapse = "" ,
sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, do gene", gene)
return( write(dado, file="result.txt")) }
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state) & is.null(country))
### para dado faltante
{for (i in 1:length(x))
{
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , collapse = "" , sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com o nome result, com a especie, do", gene)
return( write(dado, file="result.txt")) }
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date) & is.null(state)) ### para dados
faltantes
{for (i in 1:length(x))
{
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=", country[n==x[i]], "]" , collapse
= "" , sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com a especie e pais, do gene", gene )
return( write(dado, file="result.txt")) }
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon) & is.null(collection_date)) ### para dados faltantes
{for (i in 1:length(x))
{
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=",

```

```
country[n==x[i]],":" ,state[n==x[i]],"]" , collapse = "" , sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com a especie, pais e estado, do gene", gene )
return( write(dado, file="result.txt")) }
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)& is.null(Lat) &
is.null(Lon)) ### para dado faltante
{for (i in 1:length(x))
{
dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=",
country[n==x[i]],":" ,state[n==x[i]],"]" , " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]" , collapse = "" , sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com nome da especie, pais e data de coleta, do gene", gene
)
return( write(dado, file="result.txt")) }
if(is.null(voucher)& is.null(local) & is.null(Lat) & is.null(Lon)) ###
para dado faltante
{for (i in 1:length(x))
{
dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=",
country[n==x[i]],":" ,state[n==x[i]], ":" , municipio[n==x[i]],"]" , "
[collection date=",collection_date[n==x[i]], "]" , collapse = "" , sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho com nome da especie, pais, município e data de coleta, do
gene", gene )
return( write(dado, file="result.txt")) }
if(is.null(voucher) & is.null(municipio) & is.null(local)) ### para dado
faltante
{for (i in 1:length(x))
{
dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=",
country[n==x[i]],":" ,state[n==x[i]],"]" , " [collection
date=",collection_date[n==x[i]], "]" , " [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], " ,",
Lon[n==x[i]], "]" , collapse = "" , sep="")
}
cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher, município e local, do gene", gene )
return( write(dado, file="result.txt")) }
if(is.null(voucher) & is.null(local)) ### para dado faltante
{for (i in 1:length(x))
{
dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=",
country[n==x[i]],":" ,state[n==x[i]], ":" , municipio[n==x[i]],"]" , " , "
```

```

[collection date=",collection_date[n==x[i]], "," , " [Lat-Lon=",
Lat[n==x[i]], ",", Lon[n==x[i]], "]" , collapse = "" , sep="")
}
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
area de trabalho, sem Voucher e local, do gene", gene)
  return( write(dado, file="result.txt")) }
  if(is.null(voucher) & is.null(Lat) & is.null(Lon)) ### para dado faltante
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=",
country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":", municipio[n==x[i]],":",
local[n==x[i]], "]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]], "]" ,
collapse = "" , sep="")
  }
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher e latitude e longitude, do gene", gene)
  return( write(dado, file="result.txt")) }
  if(is.null(voucher))
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [country=",
country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":", municipio[n==x[i]],":",
local[n==x[i]], "]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]], "]" , "
[Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",", Lon[n==x[i]], "]" , collapse = "" , sep="")
  }
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, sem Voucher do gene", gene)
  return( write(dado, file="result.txt")) }
  ### todas as informações disponíveis em outro gene, informado pelo usuário
  else
  {for (i in 1:length(x))
  {
    dado[grep(c(x[i]), dado)] <- paste(">",x[i]," [organism=",
organism[n==x[i]], "]" ,gene , " [Specimen Voucher=", voucher[n==x[i]], "]" ,
[country=", country[n==x[i]],":",state[n==x[i]], ":", municipio[n==x[i]],
":", local[n==x[i]], "]" , " [collection date=",collection_date[n==x[i]],
"]", " [Lat-Lon=", Lat[n==x[i]], ",", Lon[n==x[i]], "]" , collapse = "" ,
sep="")
  }
  cat("Foi salvo um arquivo txt com ", length(x), " sequencias, na sua
área de trabalho, do gene", gene)
  return( write(dado, file="result.txt")) }
}

```

## Help da função genbank

genbank

package:unknown

R Documentation

Função ira a organizar a(s) sequencia(s) nucleotídica(s) de uma pasta do usuário e adicionara as informações como especie, localidade, data da coleta e coordenadas em um arquivo txt.

#### Description:

O arquivo que a função retorna estará com o formato para depositar as sequências em um banco de dados como o NCBI, GenBank. A função seleciona a pasta do usuário e encontra os arquivos com o nome do vetor que o usuário forneceu de entrada, com os códigos das sequencia(s) que queira selecionar. Esta(s) devem estar em formato fasta com o mesmo nome ou parte do nome da sequencia dada no vetor. E uma data.frame com as informações da especie, localidade, data da coleta e coordenadas nas colunas, com uma coluna com os mesmo códigos da sequencia, estes não precisam ser do mesmo tamanho que o vetor.

#### Usage:

```
genbank <- function(x, pasta, gene, primer, n, organism=NULL,
voucher=NULL, country=NULL, state=NULL, municipio=NULL, local=NULL,
collection_date=NULL, Lat=NULL, Lon=NULL)
```

#### Arguments:

x	vetor com o códigos das sequencias (Ver detalhe)
pasta	pasta onde estão as sequências fasta
gene	gene da sequencias, como padrão pode ser COI, 16S, mas pode ser qualquer outro
primer	fowrd ou o reverso (Ver detalhe)
n	coluna do data.frame, que corresponde o mesmo numero de x.
organism	coluna do data.frame como a especie
voucher	coluna do data.frame como a identificação do voucher
country	coluna do data.frame como o pais de coleta do organismo
state	coluna do data.frame como o estado de coleta do organismo
municipio	coluna do data.frame como o município de coleta do organismo
local	coluna do data.frame como o local de coleta do organismo (Ver detalhes)
collection_date	coluna do data.frame como a data de coleta do organismo (Ver detalhes)
Lat	coluna do data.frame como a latitude
Lon	coluna do data.frame como a longitude

#### Details:

o valor de x tem que corresponder o valor de n da coluna do data.frame  
primer tem que estar no nome da sequência fasta da pasta fornecida pelo usuário. Ex: 346\_COI\_HCO, primer=HCO do gene COI.

o valor de n e uma coluna do data.frame que já deve esta aberto na área de trabalho do r.

Local pode ser algo mais especifico, um córrego, rio, rua etc....

Necessário estar instalado o pacote pegas.

#### Value:

O vetor x não precisa ter o mesmo tamanho que o n do data.frame.

Se o gene=COI

```
comp1 : genbank(x,"C:/Curso R/seq", gene="COI", primer= "HCO", n=z$DNA),
retorna uma arquivo txt com "cytochrome oxidase subunit I (COI) gene,
partial sequence;mitochondrial"
```

Se o gene=16S

```
comp2 : genbank(x,"C:/Curso R/seq", gene="16S", primer= "AR", n=z$DNA),
retorna uma arquivo txt com "16S ribosomal RNA gene, partial sequence;
mitochondrial"
```

Se o gene= a outro fornecido pelo usuário.

```
comp3 : genbank(x2,"C:/Curso R/seq", gene=" ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 2 (ITS2)",primer= "ITTS2F")
retorna uma arquivo txt com " ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 2 (ITS2)"
```

#### Warning:

Se não tiver na pasta um arquivo fasta com valor de x, a função para e retorna um mensagem do de erro com o valor que esta faltando.

se estiver faltando um arquivo fasta na pasta, a função para e da um aviso (Na pasta informada esta faltando n arquivo fasta, tem n de valor de entrada e n arquivos fasta).

#### Author(s):

Raquel Gardini Sanches Palasio  
 raquelpalasio@usp.br

#### References:

Paradis E. 2010. pegas: an R package for population genetics with an integrated-modular approach.

Bioinformatics 26: 419–420. doi:10.1093/bioinformatics/btp696.  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/WebSub/html/help/fast.html>

#### See Also:

pegas, read.dna, list.files

#### Examples:

```
# carregar antes
x <- c(346, 491, 492, 493)
x2 <- c(650, 651, 653, 655, 658, 659)
z <- read.csv("exemplo.csv", header = T, sep= ";", dec = ".")### Esta no
arquivo zip
setwd("C:/Users/Raquel/Desktop/exemplo") # arquivo zip tem que ser
descompactado dentro da pasta com nome exemplo
### Com o Gene COI com todas as variáveis
genbank(x,"C:/Users/Raquel/Desktop/exemplo", gene="COI", primer= "HCO",
n=z$DNA, organism=z$Especie, voucher=z$N_LBMSU, country=z$Pais,
state=z$Estado, municipio=z$Municipio, local=z$Local.de.coleta,
collection_date=z$Data.de.coleta, Lat=z$Latitude, Lon=z$Longitude)
### Com o Gene 16S com todas as variáveis
genbank(x2,"C:/Users/Raquel/Desktop/exemplo", gene="16S", primer= "AR",
n=z$DNA, organism=z$Especie, voucher=z$N_LBMSU, country=z$Pais,
state=z$Estado, municipio=z$Municipio, local=z$Local.de.coleta,
collection_date=z$Data.de.coleta, Lat=z$Latitude, Lon=z$Longitude)
### Com outro gene com todas as variáveis, um valor de x
```

```
genbank("650", "C:/Users/Raquel/Desktop/exemplo", gene="ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 2 (ITS2)", primer= "AR", n=z$DNA, organism=z$Especie, voucher=z$N_LBMSU, country=z$Pais, state=z$Estado, municipio=z$Municipio, local=z$Local.de.coleta, collection_date=z$Data.de.coleta, Lat=z$Latitude, Lon=z$Longitude)
### apenas com a variável organism do Gene COI
genbank(x, "C:/Users/Raquel/Desktop/exemplo", gene="COI", primer= "HC0", n=z$DNA, organism=z$Especie)
```

## Arquivos para rodar o exemplo

[Pasta com exemplos](#) [Função genbank](#) [Help da função](#)

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

[http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05\\_curso\\_antigo:r2017:alunos:trabalho\\_final:raquelpalasio:start](http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2017:alunos:trabalho_final:raquelpalasio:start) 

Last update: **2020/08/12 06:04**