Wprowadzenie do R i RStudio

Analizy bioinformatyczne w badaniach genomowych | Ćwiczenia 1

8.10.2024

Plan zajęć

1. **Część teoretyczna**

- Wprowadzenie do R
- Podstawy języka R
- Wprowadzenie do Rstudio
- Pakiety i rozszerzenia

2. Część praktyczna A

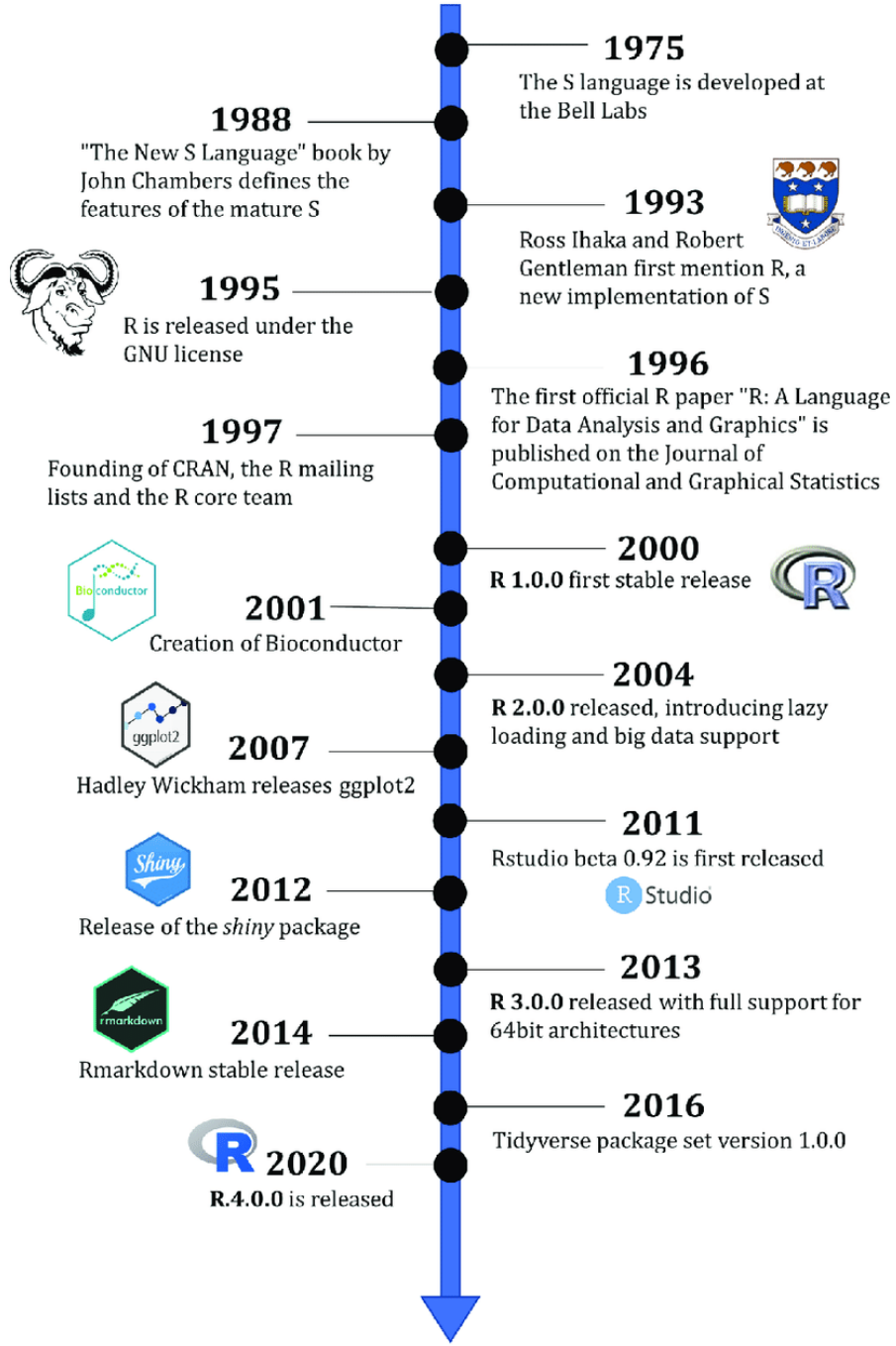
- Uruchomienie Rstudio i konfiguracja środowiska
- Podstawowe operacje w R
- Praca z ramkami danych
- Tworzenie i uruchamianie skryptów

3. Część praktyczna B

- Importowanie i eksportowanie danych
- Podstawowa analiza danych
- Wizualizacja danych
- Wprowadzenie do pakietów bioinformatycznych

Wprowadzenie do R

Historia i rozwój języka R



Filozofia R

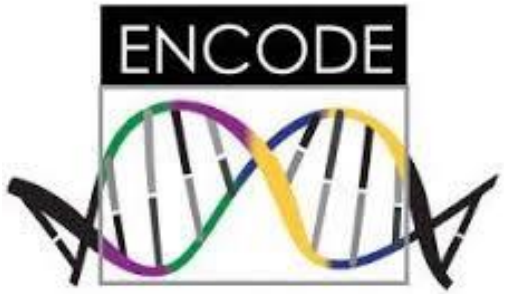
- rozwijany przez społeczność
- wszystko w otwartym dostępie
- nastawienie na wykorzystanie niekomercyjne (badania naukowe)

Zastosowania R w bioinformatyce i badaniach genomowych

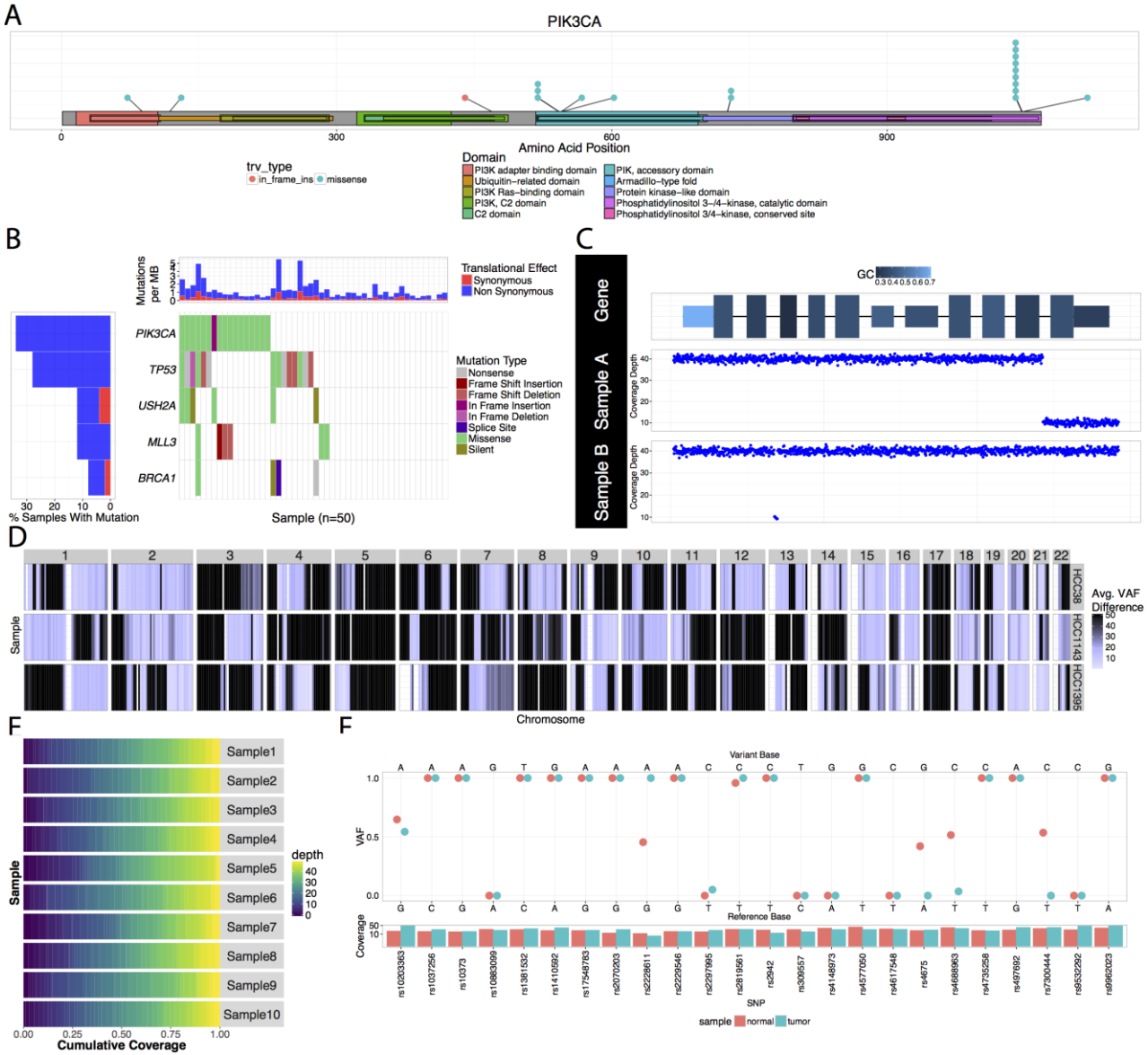
- Analiza sekwencji genomowych
- Przetwarzanie danych z mikromacierzy i NGS (Next-Generation Sequencing)
- Wizualizacja wyników analiz

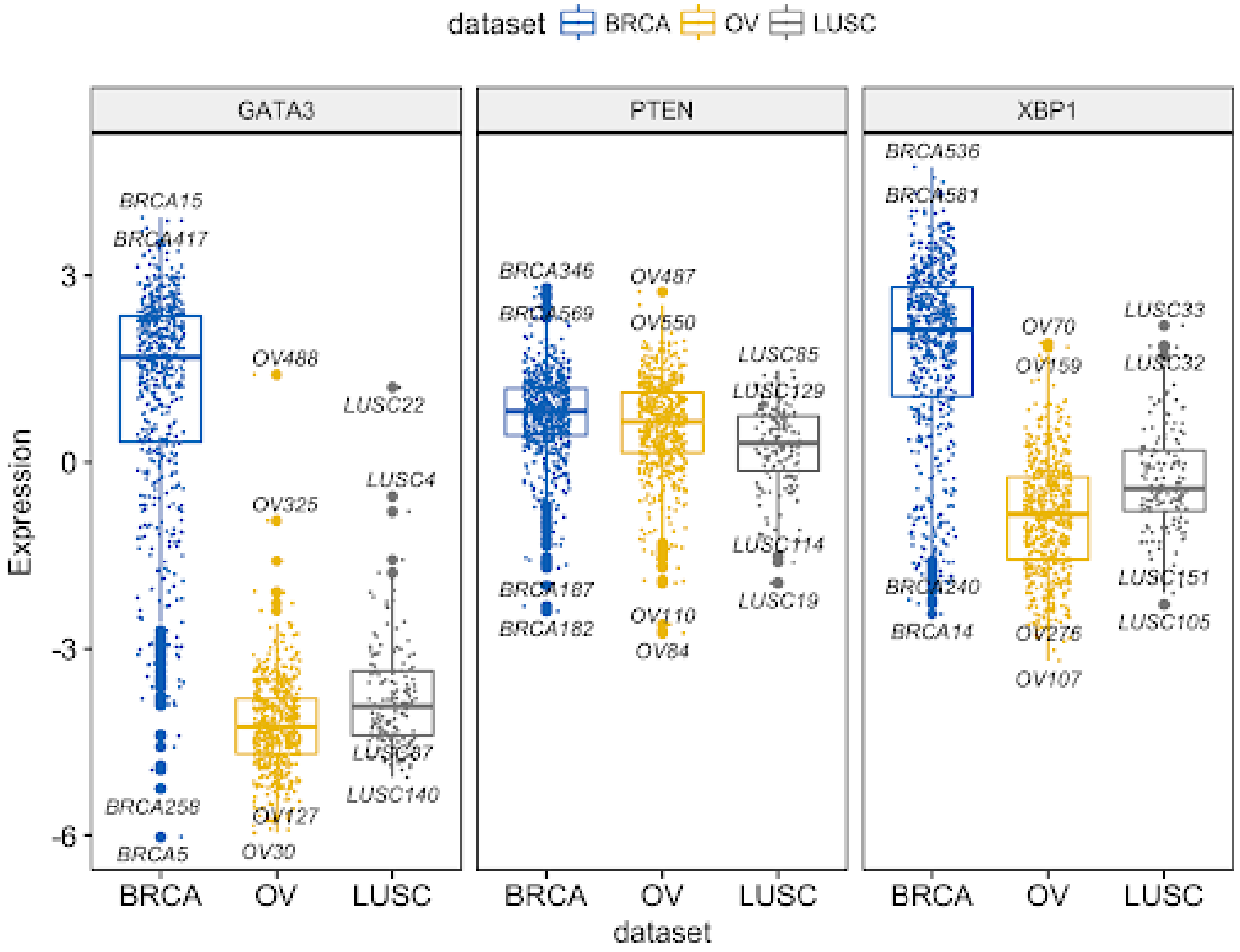
Wykorzystanie R w badaniach i projektach

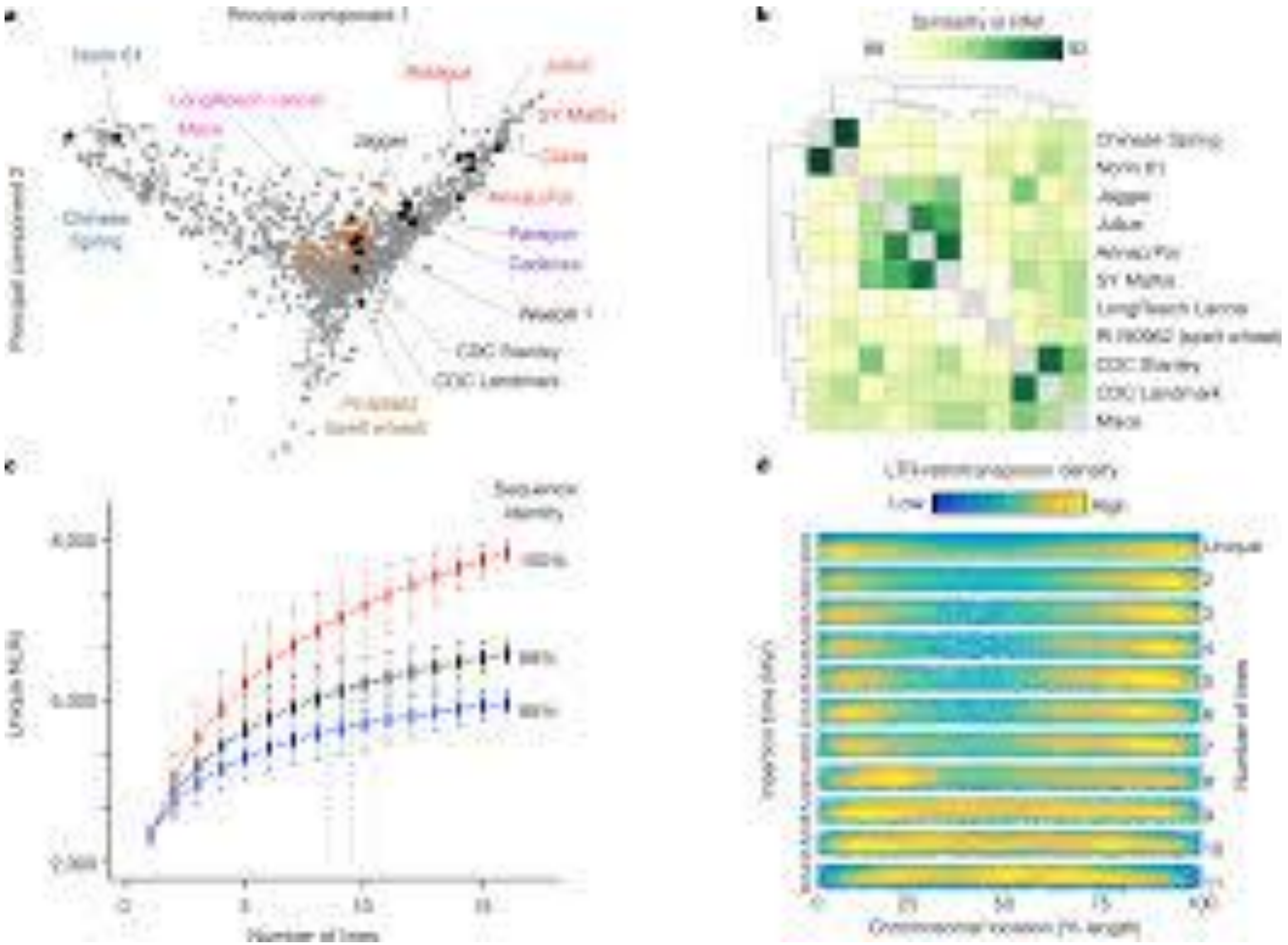
- ENCODE
- 1000 Genomes
- GTEx



Wizualizacja danych genomowych




dataset
BRCA
OV
LUSC
GATA3
PTEN
XBP1
Expression
3
0
-3
-6
BRCA15
BRCA417
BRCA258
BRCA5
OV488
OV325
OV127
OV30
LUSC22
LUSC4
LUSC87
LUSC140
BRCA346
BRCA569
BRCA187
BRCA182
OV487
OV550
OV410
OV84
LUSC65
LUSC129
LUSC114
LUSC19
BRCA536
BRCA581
BRCA240
BRCA14
OV70
OV159
OV276
OV107
LUSC33
LUSC32
LUSC151
LUSC105
BRCA
OV
LUSC
dataset



Principal component 1
Principal component 2
Chinese Spring
Norin 61
Jagger
Julius
SY Mattis
CDC Stanley
CDC Landmark
Mace
Sequence identity
100%
Number of lines
Low
High
Unique
Chromosomal location (% length)

Podstawy języka R

Składnia i struktura języka

- Komentarze - #

```
#to jest komentarz
```

- Przypisywanie wartości

```
#metoda 1:
x <- 5
#metoda 2:
y = 10
```

Wydzielanie podzbioru ze zbioru danych - $

```
podzbior <- zbior$podzbior
```

Typy danych w R

Wektory – jednowymiarowe struktury danych

```
liczby <- c(1, 2, 3, 4, 5)
```

Macierze – dwuwymiarowe tablice jednego typu danych

```
macierz <- matrix(1:9, nrow = 3)
```

Ramki danych (data frames, df)

```
ramka <- data.frame(
imie = c(“Anna”, “Piotr”),
wiek = c(28, 34)
)
```

Typy danych w R

Listy: kolekcje elementów różnych typów

```
lista <- list(wektor = liczby, ramka = ramka)
```

Czynniki (factors): zmienna kategoryczna

```
czynniki <- factor(c("mały", "duży", "średni")
```

Operatory arytmetyczne, logiczne i relacyjne

Arytmetyczne: +, -, *, /, ^

Porównania: ==, !=, <, >, <=, >=

Logiczne: & (i), | (lub), ! (nie)

Warunkowe: if(condition) { expr } else { expr }

ifelse(test, yes, no)

any(x)

all(x)

which(x)

Podstawowe funkcje (base)

- matematyczne
  - sqrt(x)
  - log10(x)
  - sin(x), cos(x), tan(x)
  - ceiling(x)
  - floor(x)
  - trunc(x)
- statystyczne
  - mean(x)
  - sd(x)
  - min(x)
  - max(x)
  - range(x)
  - summary(x)
  - table(x)
  - cor(x, y)
  - cov(x, y)
- opisowe
  - sqrt(x)
  - log10(x)
  - sin(x), cos(x), tan(x)
  - ceiling(x)
  - floor(x)
  - trunc(x)

Wprowadzenie do RStudio

Co to jest Rstudio?

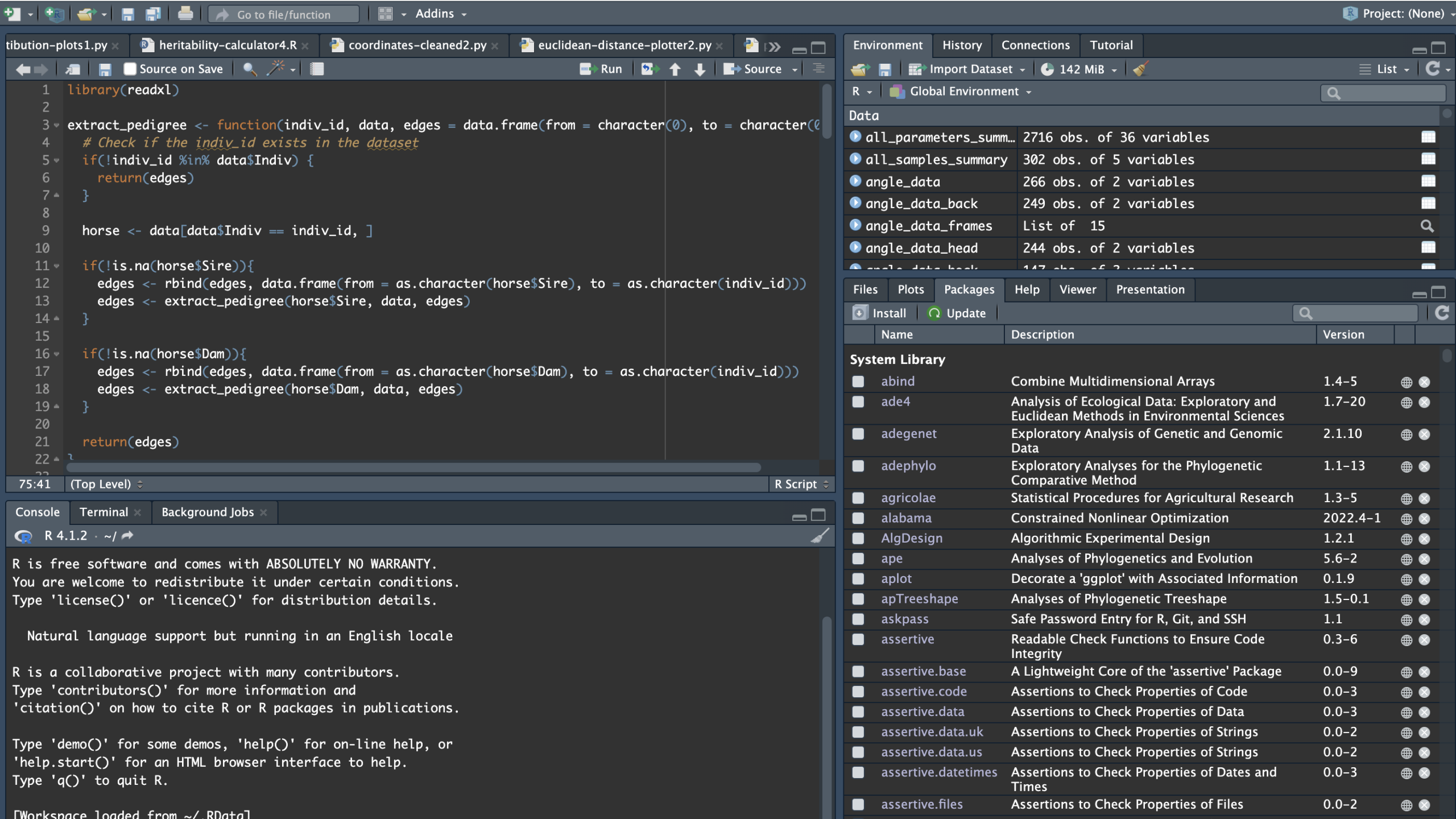
- Zintegrowane środowisko programistyczne (Integrated Developer Environment, IDE) dla R
- Ułatwia pisanie kodu, zarządzanie projektami i wizualizację wyników

Zalety RStudio

- Możliwość tworzenia projektów
- Każda część składni widoczna w innym kolorze
- Automatyczne uzupełnianie nawiasów i innych operatorów
- Automatyczne debugowanie kodu (sort of…)
- Szybki podgląd wizualizacji wyników
- Łatwe przemieszczanie się po skrypcie
- Brak konieczności znajomości pracy w command line
- Może służyć jako IDE również do innych języków programowania

Interfejs użytkownika

- Konsola (Console): miejsce wykonywania poleceń w czasie rzeczywistym
- Edytor skryptów (Source): pisanie i edycja skryptów R
- Środowisko robocze (Environment): przegląd zmiennych i danych
- Panel wyjściowy (Plots, Files, Packages, Help): wyświetlanie wykresów, zarządzanie plikami i pakietami, dostęp do pomocy


Go to file/function
Addins
Project: (None)
tibution-plots1.py
heritability-calculator4.R
coordinates-cleaned2.py
euclidean-distance-plotter2.py
Source on Save
Run
Source
library(readxl)
extract_pedigree <- function(indiv_id, data, edges = data.frame(from = character(0), to = character(0
# Check if the indiv_id exists in the dataset
if(!indiv_id %in% data$Indiv) {
return(edges)
}
horse <- data[data$Indiv == indiv_id,]
if(!is.na(horse$Sire)){
edges <- rbind(edges, data.frame(from = as.character(horse$Sire), to = as.character(indiv_id)))
edges <- extract_pedigree(horse$Sire, data, edges)
}
if(!is.na(horse$Dam)){
edges <- rbind(edges, data.frame(from = as.character(horse$Dam), to = as.character(indiv_id)))
edges <- extract_pedigree(horse$Dam, data, edges)
}
return(edges)
75:41
(Top Level)
R Script
Console
Terminal
Background Jobs
R 4.1.2 · ~/
R is free software and comes with ABSOLUTELY NO WARRANTY.
You are welcome to redistribute it under certain conditions.
Type 'license()' or 'licence()' for distribution details.
Natural language support but running in an English locale
R is a collaborative project with many contributors.
Type 'contributors()' for more information and
'citation()' on how to cite R or R packages in publications.
Type 'demo()' for some demos, 'help()' for on-line help, or
'help.start()' for an HTML browser interface to help.
Type 'q()' to quit R.
[Workspace loaded from ~/.RData]
Environment
History
Connections
Tutorial
Import Dataset
142 MiB
List
R
Global Environment
Data
all_parameters_summ… 2716 obs. of 36 variables
all_samples_summary 302 obs. of 5 variables
angle_data 266 obs. of 2 variables
angle_data_back 249 obs. of 2 variables
angle_data_frames List of 15
angle_data_head 244 obs. of 2 variables
Files
Plots
Packages
Help
Viewer
Presentation
Install
Update
Name
Description
Version
System Library
abind Combine Multidimensional Arrays 1.4-5
ade4 Analysis of Ecological Data: Exploratory and Euclidean Methods in Environmental Sciences 1.7-20
adegenet Exploratory Analysis of Genetic and Genomic Data 2.1.10
adephylo Exploratory Analyses for the Phylogenetic Comparative Method 1.1-13
agricolae Statistical Procedures for Agricultural Research 1.3-5
alabama Constrained Nonlinear Optimization 2022.4-1
AlgDesign Algorithmic Experimental Design 1.2.1
ape Analyses of Phylogenetics and Evolution 5.6-2
aplot Decorate a 'ggplot' with Associated Information 0.1.9
apTreeshape Analyses of Phylogenetic Treeshape 1.5-0.1
askpass Safe Password Entry for R, Git, and SSH 1.1
assertive Readable Check Functions to Ensure Code Integrity 0.3-6
assertive.base A Lightweight Core of the 'assertive' Package 0.0-9
assertive.code Assertions to Check Properties of Code 0.0-3
assertive.data Assertions to Check Properties of Data 0.0-3
assertive.data.uk Assertions to Check Properties of Strings 0.0-2
assertive.data.us Assertions to Check Properties of Strings 0.0-2
assertive.datetimes Assertions to Check Properties of Dates and Times 0.0-3
assertive.files Assertions to Check Properties of Files 0.0-2

Personalizacja ustawień i korzystanie z pomocy

- możliwość zmiany tła, kolorów czcionek, wielkości poszczególnych okien
- pakiet ‘learnr’ -> specjalnie do nauki R
- zakładka ’Help’ w panelu wyjściowym
- Skróty klawiszowe

Pakiety i rozszerzenia

Instalacja i zarządzanie pakietami

Instalacja pakietu:

```
install.packages("nazwa_pakietu")
```

Ładowanie pakietu:

```
library(nazwa_pakietu)
```

Można to też zrobić przez panel wyjściowy, ale lepiej się nie przyzwyczajać…

Przykładowe pakiety

- **ggplot2:** najbardziej zaawansowany pakiet do wizualizacji danych
- **dplyr:** manipulacja danymi, funkcja pipe (%>%)
- **knitr, rmarkdown:** pozwala na połączenie kodu, wyników i opisu w jednym dokumencie
- **readxl:** umożliwia wczytywanie danych z plików Excel
- **plotly:** interaktywne wykresy
- **Shiny:** interaktywne aplikacje internetowe
- **esquisse:** interfejs graficzny pozwalający na tworzenie wykresów bez znajomości ggplot2

Bioconductor: pakiety bioinformatyczne

- Pierwsza wersja platformy BioConductor powstała w 2001 r., zaraz po pierwszej stabilnej wersji języka R
- Oprócz R korzysta także z innych języków, m. in. Python, C, Swift
- Setki pakietów do analizy sekwencji, mikromacierzy etc.

Koniec teorii! Pytania?