

Bioconductor, Expressão Diferencial E Enriquecimento Funcional

Msc. Carlos Biagi Jr



29 de janeiro de 2020



- Rede de distribuição do R;
- `https://cran.r-project.org/`



- É um projeto **open source** e de **desenvolvimento aberto** para a análise de dados biomédicos e genômicos;
- O projeto foi iniciado no outono de 2001;
- *Releases*:
 - ▶ v1.0: 2002 (**15 pacotes**);
 - ▶ v1.2: 2003 (**30 pacotes**);
 - ▶ v3.6: 2017 (**≈ 8000 pacotes**).
 - ▶ v3.10: 2019 (**≈ 11000 pacotes**).
 - ▶ v3.11: devel



- Fornecer acesso a métodos estatísticos e gráficos para a análise de dados genômicos;
- Facilitar a integração de metadados biológicos (*GenBank*, *GO*, *LocusLink*, *PubMed*) na análise de dados experimentais;
- Permitir o desenvolvimento de pacotes;
- Promover documentação com qualidade e pesquisas reprodutíveis;
- Fornecer treinamento em métodos computacionais e estatísticos.



- O Bioconductor fornece 3 classes de pacotes:
 - ▶ **Pacotes de *Softwares*:** limma, biomaRt, edgeR, DESeq2, ComplexHeatmap;
 - ▶ **Pacotes de *Anotações*:** GO.db, org.Hs.eg.db, KEGG.db, reactome.db;
 - ▶ **Pacotes de *Experimentos*:** HSMMSingleCell, ALL, airway.



- O Bioconductor fornece 3 classes principais de pacotes:
 - ▶ **Usuários Finais:**
 - Destinado a usuários que não estão familiarizados com R ou programação;
 - Interfaces gráficas fáceis de usar;
 - Por exemplo: <https://junkdnalab.shinyapps.io/GENAVi/>
 - ▶ **“Usuários Finais”;**
 - ▶ **Desenvolvedores.**



- Instalação;
- *Vignette*;
- Manual;
- *News*;
- *Source Code*;
- `www.bioconductor.org/`
- `www.bioconductor.org/packages/stats/`



[Home](#) » [Bioconductor 3.11](#) » [Software Packages](#) » [CeTF](#) (development version)

CeTF

platforms **all** rank 1810 / 1822 posts **0**

build **ok** updated < 1 week dependencies **unknown**

How long since the package was first in a released Bioconductor version (or is it in devel only).

DOI: [10.18129/B9.bioc.CeTF](https://doi.org/10.18129/B9.bioc.CeTF)

This is the **development** version of CeTF; to use it, please install the [devel version](#) of Bioconductor.

Coexpression for Transcription Factors using Regulatory Impact Factors and Partial Correlation and Information Theory analysis

Bioconductor version: Development (3.11)

This package provides the necessary functions for performing the Partial Correlation coefficient with Information Theory (PCIT) (Reverter and Chan 2008) and Regulatory Impact Factors (RIF) (Reverter et al. 2010) algorithm. The PCIT algorithm identifies meaningful correlations to define edges in a weighted network and can be applied to any correlation-based network including but not limited to gene co-expression networks, while the RIF algorithm identify critical Transcription Factors (TF) from gene expression data. These two algorithms when combined provide a very relevant layer of information for gene expression studies (Microarray, RNA-seq and single-cell RNA-seq data).

Author: Carlos Alberto Oliveira de Biagi Junior [aut, cre], Ricardo Perecin Nociti [aut], Breno Osvaldo Funcheli [aut], João Paulo Bianchi Ximenez [ctb], Patrícia de Cássia Ruy [ctb], Marcelo Gomes de Paula [ctb], Rafael dos Santos Bezerra [ctb], Wilson Araújo da Silva Junior [aut, ths]

Maintainer: Carlos Alberto Oliveira de Biagi Junior <cbiagijr@gmail.com>

- <https://bioconductor.org/packages/CeTF>
- <https://github.com/cbiagii/CeTF>
- <https://cbiagii.github.io/CeTF/>

