

Análise e Visualização de dados com R

Ariane Amorin

Bruna Kellet

Fernanda Luíza Ferrari

Ramon Diedrich



LAGEN

Laboratório de Genômica | UFSC

Bem vindos a nosso curso de Análise e Visualização de Dados com R para Bioinformática!

Como o curso irá funcionar? Vamos fazer uma parte introdutória sobre Bioinformática e sobre o R, onde iremos explicar como é o ambiente, como fazer os comandos, salvar no diretório, baixar pacotes entre outras coisas. E depois teremos a parte prática, onde vocês colocam a mão na massa junto com a gente.

Abaixo seguem três opções para vocês acompanharem o curso e o passo a passo de como vocês podem instalar ou fazer o cadastro.

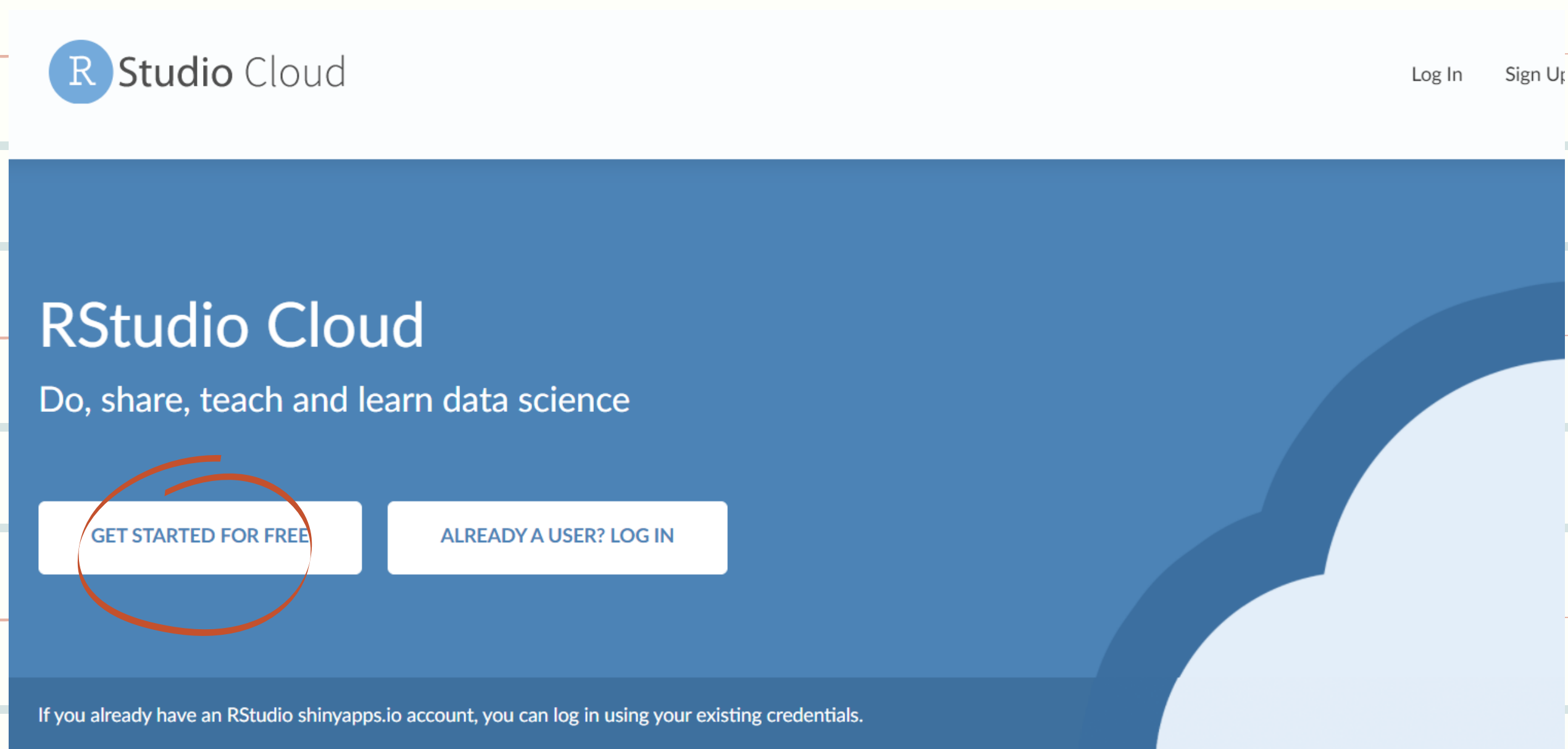


LAGEN

Laboratório de Genômica | UFSC

1. R Studio Cloud.

Para acessar precisa ser feito uma conta através do site <https://rstudio.cloud/>



2. RStudio instalado no computador

Se você quiser ter o RStudio já instalado no seu computador tem alguns passos que deve fazer.

Primeiro instalar o R através do link

<https://cran.r-project.org/bin/windows/base/>

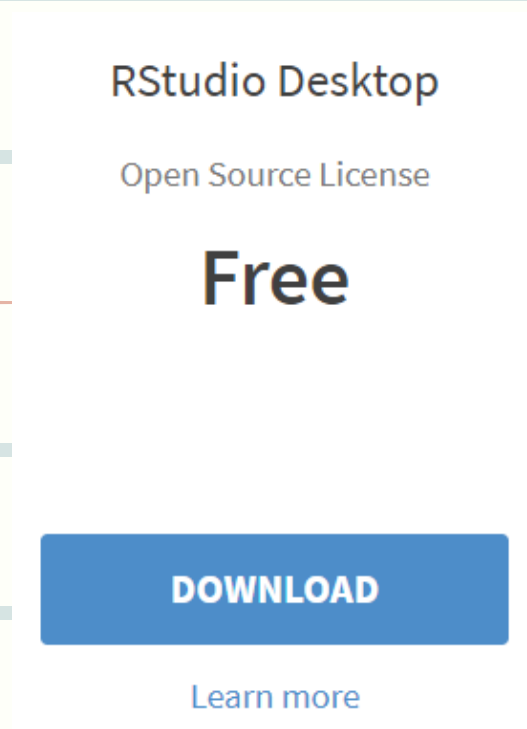
[Download R 4.0.3 for Windows](#) (85 megabytes, 32/64 bit)

[Installation and other instructions](#)

[New features in this version](#)

Após instalar o R, você deverá instalar o RStudio, que nada mais é do que o ambiente que você rodará os scripts e visualizará os resultados de suas análises. O link para baixar é o

<https://rstudio.com/products/rstudio/download/>



Após instalado o RStudio você poderá escrever e rodar seus scripts.



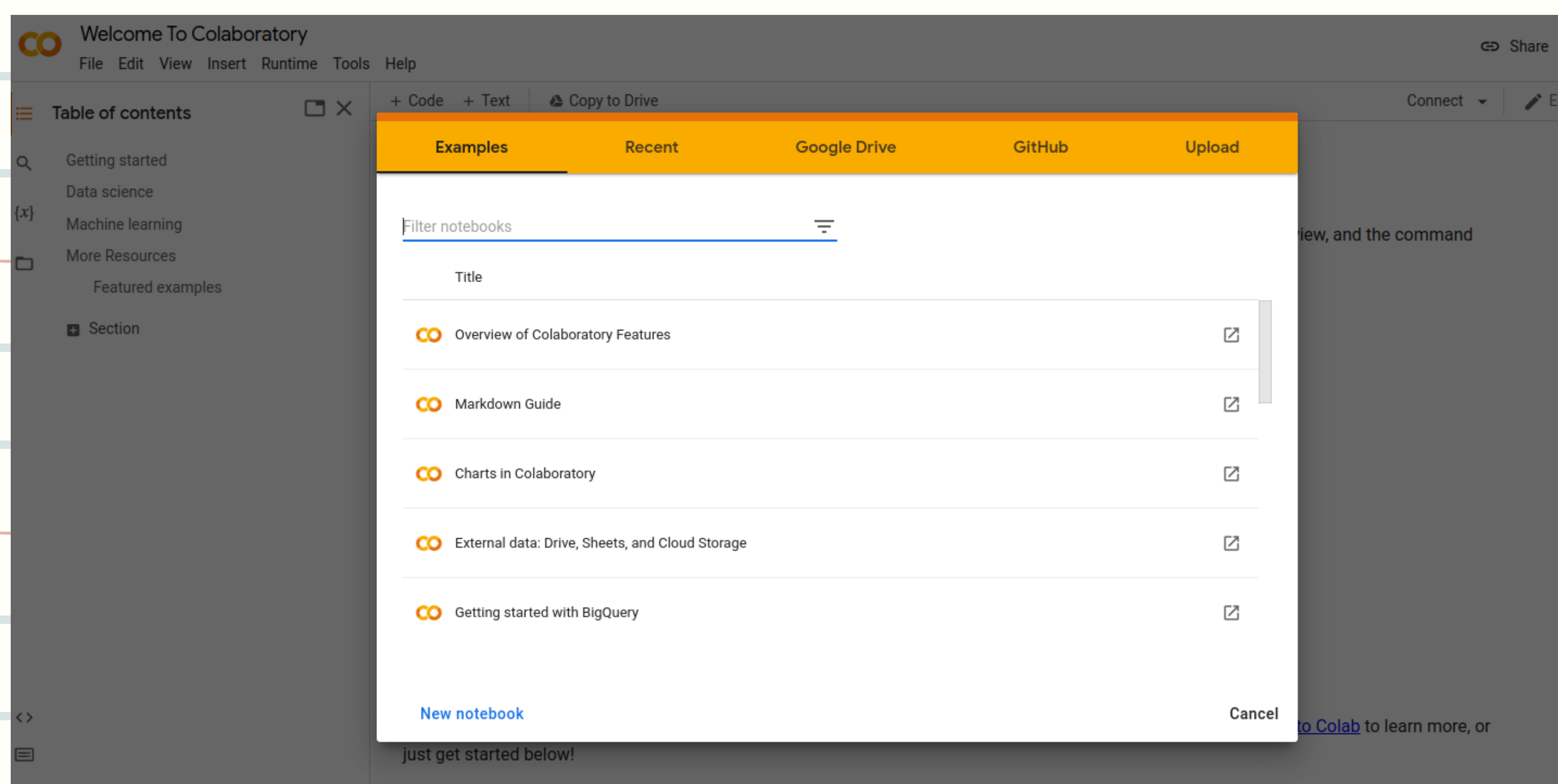
LAGEN

Laboratório de Genômica | UFSC

3. (Recomendada) Google Colab

Colab é um serviço de nuvem gratuito hospedado pelo Google que permite que você faça seus scripts (python, R) e também faça anotações (markdown) com imagens. O resultado desse código é conhecido como notebook. Isso tudo sem a necessidade de fazer nenhuma instalação apenas precisa possuir um gmail para fazer o login e salvar seus notebooks.

https://colab.research.google.com/?utm_source=scs-index



Na aula de sábado utilizaremos o Google Colab para ministrar a aula então recomendamos essa opção.



LAGEN

Laboratório de Genômica | UFSC

Por que usar o R?

É uma linguagem de programação que possui muitas ferramentas para análise de dados;

É código aberto (open source);

Possui uma comunidade ativa de pessoas desenvolvedoras;

É flexível, permite desenvolver funções e pacotes para facilitar o trabalho;

Está disponível, gratuitamente, em diferentes plataformas: Windows, Linux e Mac.



LAGEN

Laboratório de Genômica | UFSC

Dicas para aprender mais sobre linguagens usadas na bioinformática

R:

<http://material.curso-r.com/>

<https://r4ds.had.co.nz/>

<https://www.curso-r.com/blog/>

R e Python:

<https://www.udemy.com/course/cientista-de-dados/>

Python:

<https://www.coursera.org/learn/ciencia-computacao-python-conceitos>



LAGEN

Laboratório de Genômica | UFSC