

Harmony in data through Apply functions

Taller de Bioinformática Avanzado

CodeMyGen by GenoBit

Sofia Acuña, Eduardo Ceto, Angel Peña

CodeMyGen

Talleres ofrecidos por **GenoBit: Genomics and Bioinformatics**
Para aquellos que buscan desarrollar habilidades de programación,
aplicada a diferentes ámbitos.

Registro

Regístrate para luego obtener tu certificado.
Solo si no te registraste antes



CodeMyGen

Ruta de aprendizaje

Introductorio



Hello, Bioinformatics
in R

Intermedio



Making sense of
sequences, in R

Avanzado



Harmony in data
through Apply functions

Descarga R y RStudio



- > Descarga R
- > Descarga RStudio para Windows o Mac

Carpeta de Drive con cuadernillos



- > Descarga el archivo en el que trabajaremos
- > CodeMyGen3.rmd

<https://bit.ly/4ozlQcL>

La familia *apply* en R: automatizando análisis bioinformáticos

¿Qué son?

Herramientas en R que permiten repetir operaciones fácilmente sobre filas, columnas o listas, sin escribir *for loops*.

Funciones principales:

- `apply()` – aplica sobre filas o columnas
- `lapply()` – aplica a listas
- `sapply()` – igual que `lapply`; devuelve un vector
- `tapply()` – aplica por grupos o categorías
- `mapply()` – aplica a pares de entradas

La familia *apply* en R: automatizando análisis bioinformáticos

¿Por qué son importantes en bioinformática?

- Permiten **manejar grandes volúmenes de datos** (genes, proteínas, secuencias de ADN).
- **Simplifican tareas repetitivas** como normalizar, calcular promedios o buscar patrones.
- Facilitan el análisis de datos previo al laboratorio al identificar y excluir genes o proteínas de baja prioridad antes de su validación experimental.

Ejemplo:

- En el análisis del conjunto Golub (leucemia), se empleó `apply()` para calcular el promedio de expresión de cada gen, permitiendo la identificación de genes candidatos para el diagnóstico de leucemia.