
CENTRO DE CIENCIAS MATEMÁTICAS

CINVESTAV

ENES Análisis exploratorio de datos de microbiomas

Capítulo 7

Andrés Arredondo (email_1@gmail.com)
Adriana Haydé Contreras Peruyero (haydeeperuyero@gmail.com)
David Alberto García Estrada (@gmail.com)

Morelia

Septiembre de 2022

Índice

1. Datos de Ratones y Humanos	3
2. Análisis exploratorio con resumen gráfico	3
2.1. Gráficos de riqueza	3

1. Datos de Ratones y Humanos

Las bases de datos que se ocuparon son dos:

- Vdr: es una base de datos de ratones. Contiene datos de microbiomas intestinales y fueron recolectados de heces y muestras de heces cecales. Las que se usan en este capítulo son de heces.
- Troat.otu.tab: estos datos son de fumadores y se encuentran en el paquete **GUniFrac**. Estos datos se usarán para explorar el árbol filogenético.

2. Análisis exploratorio con resumen gráfico

En este capítulo se exploran diferentes gráficos usuales: riqueza, barras de abundancia, mapas de calor, redes y árbol filogenético.

2.1. Gráficos de riqueza

En el capítulo anterior se exploró la diversidad alfa, en este capítulo vamos a explorar un gráfico relacionado a esto. Para esto, se usa la función `plot_richness()` del paquete `phyloseq`. Generalmente, la riqueza se refiere a un gráfico del número total de especies, taxones u OTUs en un ambiente, pero esta función también nos da otras figuras relacionadas a otras diversidades.

Lo primero que debemos hacer es instalar el paquete y leer los datos.

```
#Para instalar el paquete, usamos Bioconductor

#if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))
# install.packages("BiocManager")

#BiocManager::install("phyloseq")
```

En la carpeta `data` se encuentra la base de datos a usar `VdrFecalGenusCounts.csv`.

```
setwd("D:/Users/hayde/Documents/R_sites/Equipo4")

#library(phyloseq)
#library(ggplot2)
abund_table=read.csv("./data/VdrFecalGenusCounts.csv",row.names=1,check.names=FALSE)
abund_table<-t(abund_table)
```