

PEC1. ANÁLISIS DE DATOS ÓMICOS

El primer paso realizado ha sido clonar el repositorio de github en R. Para ello: File > New Project > Version control > Git > Panel en el que indicamos el URL del repositorio y directorio donde lo vamos a guardar.

Una vez tenemos clonado el repositorio, podemos explorarlo y seleccionar un dataset. En mi caso, he seleccionado el dataset “human_cachexia”, que he podido leer con la función `read_csv`. También he podido leer el archivo de metadatos con extensión “.md” con la función `readLines`.

Una vez descargados los datos, para crear el contenedor del tipo `SummarizedExperiment`, he tenido que instalar y cargar el paquete para posteriormente poder utilizarlo. Una vez creado el objeto contenedor de los datos y metadatos, podemos pasar a la última parte de la PEC y explorar el dataset.

Utilizando la función `dim(assays(object)$counts)` podemos ver que el dataset cuenta con 77 filas, que serán los distintos pacientes, y 65 columnas correspondientes a las variables analizadas. Si repasamos los metadatos, se nos indica que los datos no son pareados, no hay valores missing y todas las variables son numéricas. Sin embargo, algunas son factores ya que encontramos la segunda columna que nos clasifica a los individuos en función de si son pacientes con cachexia o si son individuos sanos utilizados como control.

Para crear el repositorio en github primero he tenido que crear una cuenta para posteriormente crear un repositorio publico e ir añadiendo los documentos necesarios. Primero he añadido el csv y md con los datos y metadatos respectivamente. Estos son los que he utilizado para la PEC y había obtenido del repositorio proporcionado de github. También he subido el Rda con el objeto `SummarizedExperiment` que he guardado desde R, así como el código utilizado para resolver esta PEC.

El enlace al repositorio es el siguiente:

<https://github.com/Marta-lf/Lafuente-Sanchez-Marta-PEC1.git>