

Bioinfo_Módulo1

🕒 Created	@January 31, 2023 9:20 AM
📎 Class	
☰ Subject	
📎 Materials	
☑ Reviewed	<input type="checkbox"/>
☰ Property	

▼ 31 de enero, 2023

- Beneficios de R: Gratuito, modularidad, comunidad extensa...
- Es importante aprender a pedir ayuda: descripción de los errores, uso de “**reprex**” en R.
- Beneficios de GitHub: Controles de versión , colaborativo, ayuda al monitoreo de trabajo, creación de páginas web con el archivo HTML y un archivo .nojekyll

Introducción a Bioconductor

Tipos de paquetes de Bioconductor:

- Software (tipo principal, generado tanto por Bioconductor como público general)
- Annotation (interacción con bases de datos de anotación)
- Experiment Data (datos recabados experimentalmente)
- Workflows (muestra uso de paquetes para análisis)

*Cada paquete puede pertenecer sólo a una rama (un tipo de paquete)

*Podemos encontrar paquetes a través de biocViews

- **Estructura de un paquete:**

- Etiquetas (badges)
- Descripción
- Citar
- Instalación
- Documentación ("vignette" → explica cómo usar las funciones del paquete y el orden)
- Detalles (URL, bug reports...) y estadísticas de descarga

En todo momento se encuentran disponibles 2 versiones de Bioconductor (ramas):

- release (para descargas)
- devel (para desarrollo y pruebas)

Actividad Grupal:

RESOLVE: An R package for the efficient analysis of mutational signatures from cancer genomes

Me llamó la atención la forma en que el paquete realiza la búsqueda de señales de mutación, pues como la descripción menciona es complicado distinguir entre señales biológicamente relevantes y artefactos de la información o de cómputo. La novedad que presenta para resolver esto es la extracción eficiente, "exposure estimation" y el intervalo de confianza.

Para realizar la instalación en R (versión "4.2"):

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

```
BiocManager::install("RESOLVE")
```

Author: Daniele Ramazzotti [aut] , Luca De Sano [cre, aut]

Maintainer: Luca De Sano <luca.desano at gmail.com>

A la fecha (31/01/23) pasa las pruebas de los 3 sistemas operativos y se encuentra en el lugar 2163/2183 de descargas. No cuenta con preguntas o respuestas y usa 99 dependencias.

Cita: Ramazzotti D, De Sano L (2022). *RESOLVE: RESOLVE: An R package for the efficient analysis of mutational signatures from cancer genomes*. R package version 1.0.0, <https://github.com/danro9685/RESOLVE>

RgnTX: Colocalization analysis of transcriptome elements in the presence of isoform heterogeneity and ambiguity

Este paquete me llamó la atención porque no me queda muy claro cómo es que permite la integración de las anotaciones del transcriptoma para modelar patrones de splicing alternativo complejos, aunque creo que es importante pues experimentalmente puede ser complicado encontrar todas las diferentes isoformas.

Para realizar la instalación en R (versión "4.2"):

```
if (!require("BiocManager", quietly = TRUE))  
  install.packages("BiocManager")  
  
BiocManager::install("RgnTX")
```

Author: Yue Wang [aut, cre], Jia Meng [aut]

Maintainer: Yue Wang <yue.wang19 at student.xjtlu.edu.cn>

A la fecha (31/01/23) pasa las pruebas de los 3 sistemas operativos y se encuentra en el lugar 2141/2183 de descargas. No cuenta con preguntas o respuestas y usa 115 dependencias.

Cita: Wang Y, Meng J (2022). *RgnTX: Colocalization analysis of transcriptome elements in the presence of isoform heterogeneity and ambiguity*. R package

version 1.0.0.

crisprDesign: Comprehensive design of CRISPR gRNAs for nucleases and base editors

Este paquete me parece sencillo pero útil pues permite el diseño de RNAs guía para el sistema de nucleasa de CRISPR, siendo esta una tecnología creciente en los últimos años. Funciona únicamente para el caso de humanos y realiza búsquedas de “off-targets”, los cuales son un gran reto para el uso de esta técnica.

Para realizar la instalación en R (versión "4.2"):

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

BiocManager::install("crisprDesign")
```

Author: Jean-Philippe Fortin [aut, cre], Luke Hoberecht [aut]

Maintainer: Jean-Philippe Fortin <fortin946 at gmail.com>

A la fecha (31/01/23) pasa las pruebas de los 3 sistemas operativos y se encuentra en el lugar 2096/2183 de descargas. No cuenta con preguntas o respuestas y usa 146 dependencias.

Cita: Hoberecht L, Perampalam P, Lun A, Fortin J (2022). “A comprehensive Bioconductor ecosystem for the design of CRISPR guide RNAs across nucleases and technologies.” *bioRxiv*.