

# Fundamentos de Programación en R para análisis transcriptómicos

Curso



# Ponentes:

Correo electrónico:

Dr. Jorge E. Campos Contreras

[jorge.campos@iztacala.unam.mx](mailto:jorge.campos@iztacala.unam.mx)

Dr. Hector Salgado Ortiz

[bio.h.salgado@gmail.com](mailto:bio.h.salgado@gmail.com)

M. en C. Olga Andrea Hernández Miranda

[andii.manch@gmail.com](mailto:andii.manch@gmail.com)

M. en C. Nelly Jazmín Pacheco Cruz

[nelly.pacheco.cruz@iztacala.unam.mx](mailto:nelly.pacheco.cruz@iztacala.unam.mx)

# Objetivos

## **General:**

El participante conocerá los fundamentos de programación en R para su aplicación en análisis transcriptómicos.

## **Específicos:**

- Comprender los fundamentos de programación en R para el análisis de datos biológicos.
- Conocer los fundamentos teóricos del campo de estudio de la transcriptómica y sus principales análisis desde el lenguaje de programación R.

# **Fundamentos de programación en R**

- **Unidad 1**

Introducción a R y Rstudio.

Funciones

Estructuras de datos: Vectores, matrices, arreglos, marcos de datos y listas

- **Unidad 2**

Manipulación y arreo de datos en R

Paso de formato largo a formato ancho

Uso de tidyverse: tidyr, dplyr, magrittr y forcats

- **Unidad 3**

Gráficos en R

Generación de gráficos sencillos y complejos

Modificando las características de los gráficos

Múltiples figuras en un mismo gráfico. librería ggplot

- **Unidad 4**

Limpieza de datos

Estadística inferencial

- **Unidad 5**

Estadística multivariada: LM, GLMs y GLMMs librería tidy, librería broom

## Temario

Semana 1:  
17 - 21 de junio

## Unidad 6

Análisis de agrupamiento

Componentes principales

Presentación de resultados en Rmarkdown

## Enfoque en transcriptómica

## Unidad 7

Secuenciación masiva

RNA-seq

## Unidad 8

Flujo de trabajo

Expresión diferencial

## Unidad 9

Gráficos y visualización de resultados

## Unidad 10

Aplicaciones reales y dudas

Evaluación final

# Temario

Semana 2:  
24 - 28 de junio

# Dinámica de curso

- Curso teórico y práctico
- Horario: 9:00-13:00. Receso intermedio.
- Proyecto final: equipos de 4-5 personas (viernes 28 de junio)
- Todos los materiales de la clase estarán disponibles en Github
  - <https://github.com/NellyJazminPC/Fun-R-transcript>

# ¿Qué es Github?

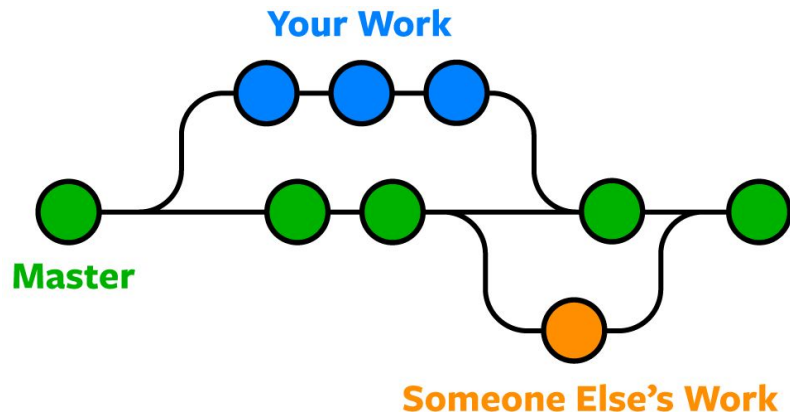
<https://github.com/>



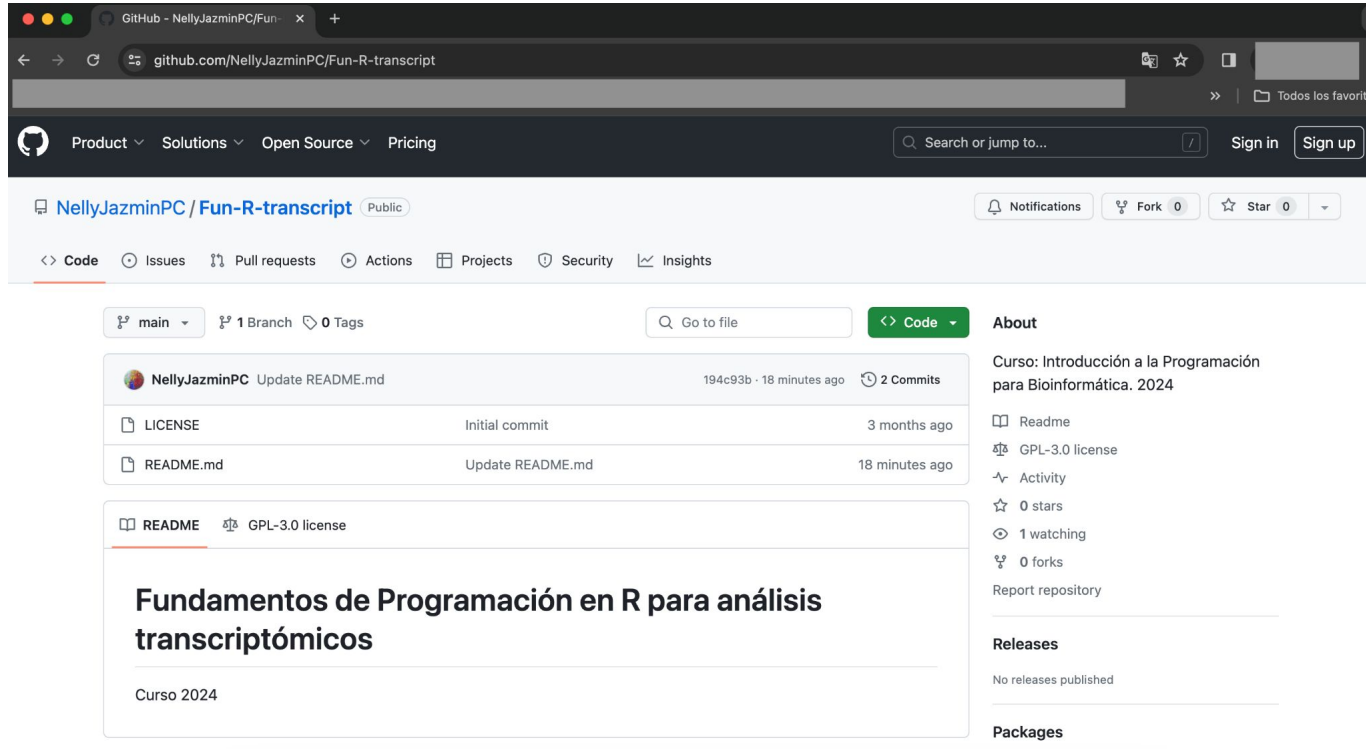
- Plataforma de desarrollo colaborativo
- Acceso gratuito (con límite de acciones y repositorios privados)

## ¿Por qué usar Github?

- **Transparencia y reproducibilidad**
- **Colaboración y trabajo en equipo**
- Comentarios y retroalimentación
- Gestión de proyectos
- Control de versiones (Git)



- **Repositorios:** son espacios de almacenamiento donde se guarda el código de un proyecto. Cada repositorio tiene su propia URL.



- <https://github.com/NellyJazminPC/Fun-R-transcript>



# Fuentes de consulta recomendadas para Github:

Documentación en la página oficial de GitHub

<https://docs.github.com/es>

Aprende Git y GitHub - Curso desde Cero (Youtube)

<https://www.youtube.com/watch?v=mBYSUUnMt9M>

# Antes de empezar, ¿qué necesitamos?

- Computadora personal

Windows 10. 4GB RAM

MacOS > x10.11

Espacio libre en disco duro, mínimo 30 GB.

- Tener instalado R y Rstudio
- De ser posible, haber avanzado con la instalación de los paquetes de R que se utilizarán en este curso.

# Instalación

## 1: Install R

RStudio requires R 3.3.0+. Choose a version of R that matches your computer's operating system.

DOWNLOAD AND INSTALL R

<https://posit.co/download/rstudio-desktop/>

## 2: Install RStudio

DOWNLOAD RSTUDIO DESKTOP FOR MACOS 12+

This version of RStudio is only supported on macOS 12 and higher. For earlier macOS environments, please [download a previous version](#).

Size: 382.66 MB | [SHA-256: C8D9185D](#) | Version: 2023.12.1+402  
| Released: 2024-01-29

<https://swcarpentry.github.io/r-novice-gapminder-es/index.html>

# Paquetes de R que utilizaremos en este curso:

"dplyr"

"nycflights13" #pendiente

"tidyr"

"reshape2"

"ggplot2"

DUDAS



¡Bienvenidos al curso!

