

FAUSTE_ORRADRE_CONCEPCIÓN. PEC1 ADO.

MÁSTER EN BIOESTADÍSTICA Y BIOINFORMÁTICA.

Nota:

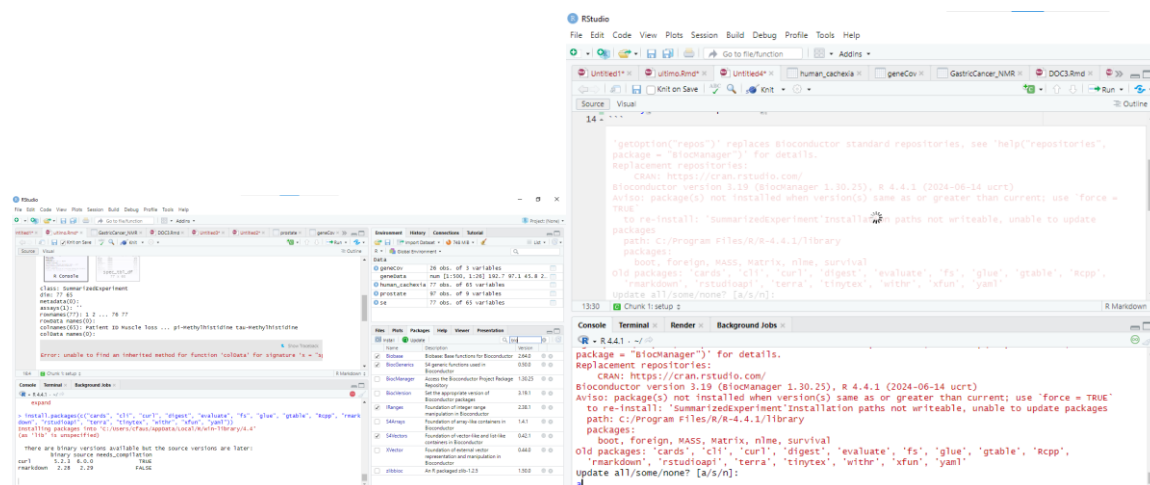
Esta referencia simplemente pretende referir la causa del contenido del documento.

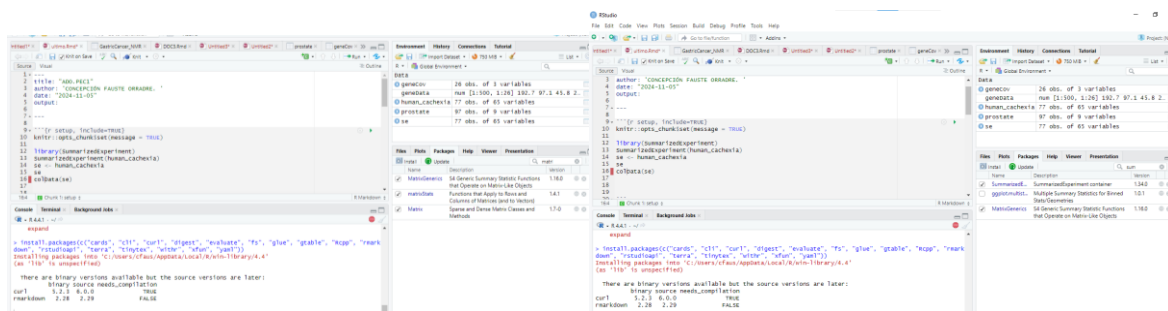
Problemas de recurrentes de instalación/uso de Bioconductor /SummarizeExperiment y las funciones asociadas al uso de estos paquetes.

Se ha intentado la instalación de diferentes maneras, con el código de tutorial de Bioconductor o de Recursos de aprendizaje del aula o install Packages Biocmanager en R. **Se comprueba que queda instalado (derecha) packages.** All instalar SummarizedExperiment queda bloqueado indefinidamente, tras reseteo del desktop de R se comprueba que **está instalado, no obstante no actualiza diversos paquetes**, como **matrix**, necesarios para el uso y construcción del contenedor con mensaje “ **installation path not writable R, unable to update packages”**

Se ha comprobado la versión de R 4.4.2, y I he desinstalado e reinstalado varias veces al lo largo de varias jornadas con el mismo resultado. He intentado instalar manualmente paquetes como Matrix sin resultado (ya está instalado, pero no actualiza)

No se ha conseguido solventar el problema. Se adjuntan capturas de pantalla que reflejan lo referido.





1. Tabla de contenidos

Abstract.....	2
Objetivos.....	3
Materiales y métodos.....	3
Examen y tratamiento de datos con SE.....	4
Discusión, limitaciones y conclusiones del estudio.....	6

2. Abstract

Dadas las limitaciones expuestas en la nota que anticipo, el contenido del documento que supone una propuesta del uso de SummarizedEXperiment), reproduce los resultados al aplicar este paquete de Bioconductor a un dataset para crear un contenedor de datos

SumarizedExperiment es una clase para crear contenedores de datos en forma de matrices de resultados experimentales comúnmente utilizado en experimentos de secuenciación o microarrays. Permite tratar varios resultados experimentales o ensayos, permitiendo la sincronía cuando se extraen metadatos y datos observados.

En este trabajo se utilizará un data set al que será tratado con SummarizedExperiment para obtener un contenedor de datos.

“human cachexia” de <https://github.com/nutrimetabolomics/metaboData/>

3. **Objetivos**

- Utilizar los paquetes de Bioconductor en el análisis de datos ómicos
- Crear un contenedor de datos con SummarizedExperiment
- Explorar un conjunto de datos con las herramientas descritas
- Obtener resultados de estos datos que permitan obtener

4. **Materiales y métodos**

Lenguaje R/ Desktop Rstudio 4.4. 2

Paquetes de Bioconductor en R SummarizedExperiment y otros

Dataset human cachexia de <https://github.com/nutrimetabolomics/metaboData/>

Bioconductor y SumarizedExperiment

5. **Examen de los datos**

Dataset human Cachexia

Procede del repositorio citado. Tras descargarlo se almacena en carpeta “working directory” para poder importarlo a R

En R , “import Data Set y se cargan los datos

Con library (SummarizedExperiment)

```
se <- human_cachexia
```

```
se
```

se resume la estructura de los datos:

```
class: SummarizedExperiment
```

```
dim: 77 65
```

```
metadata(0):
```

```
assays(1): "
```

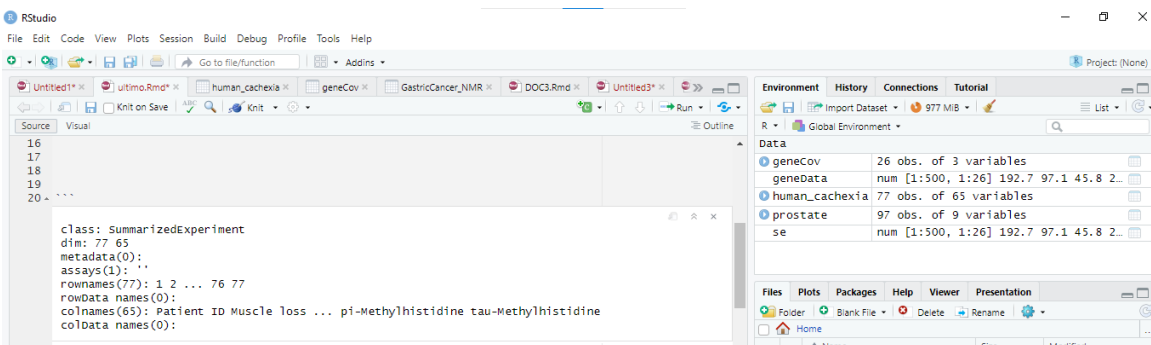
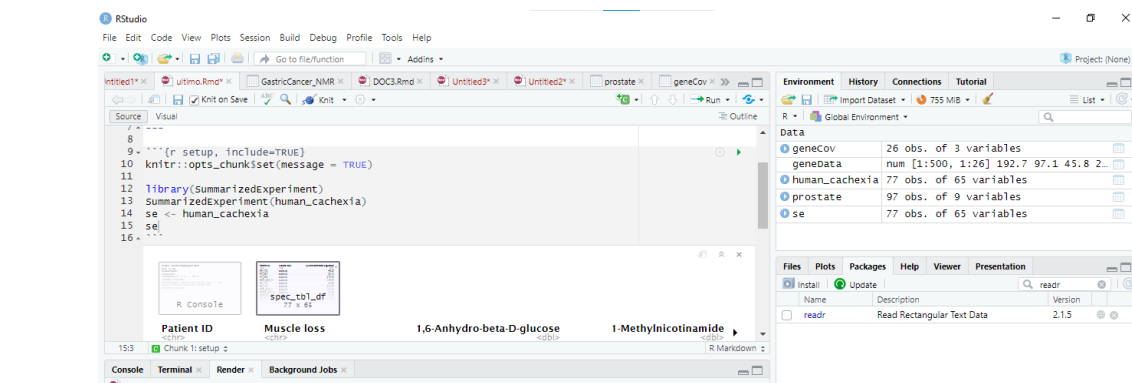
```
rownames(77): 1 2 ... 76 77
```

```
rowData names(0):
```

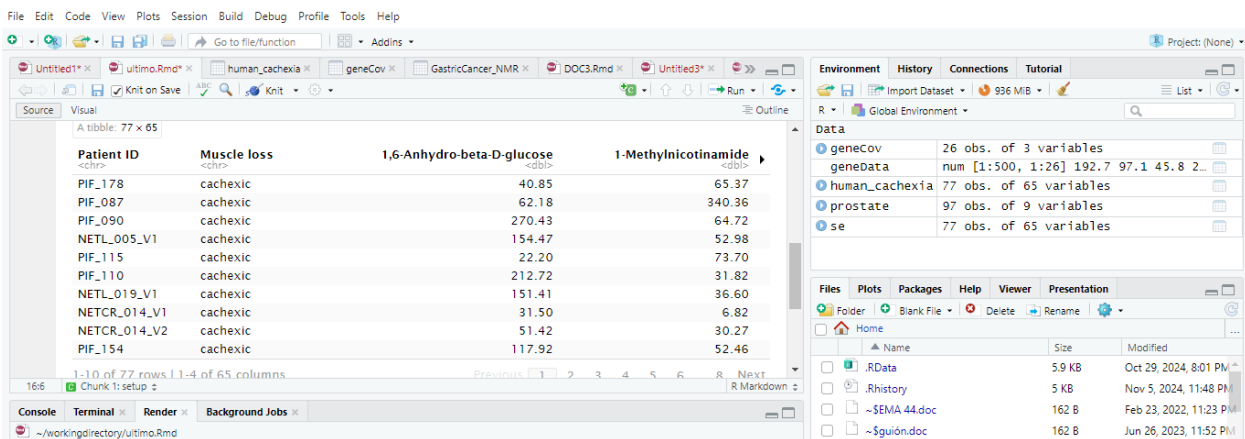
```
colnames(65): Patient ID Muscle loss ... pi-Methylhistidine tau-Methylhistidine
```

```
colData names(0)
```

77 filas y 65 columnas, las filas corresponden los pacientes y en cuanto a las columnas la primera es patientID, la segunda muscle loss y el resto diferentes ensayos, medidas de diferentes metabolitos



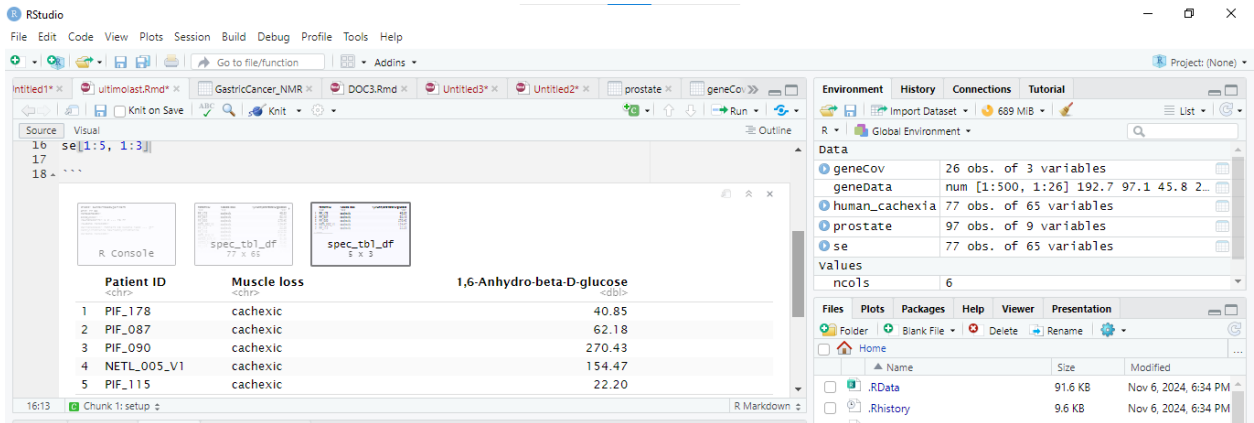
Estructura del dataset



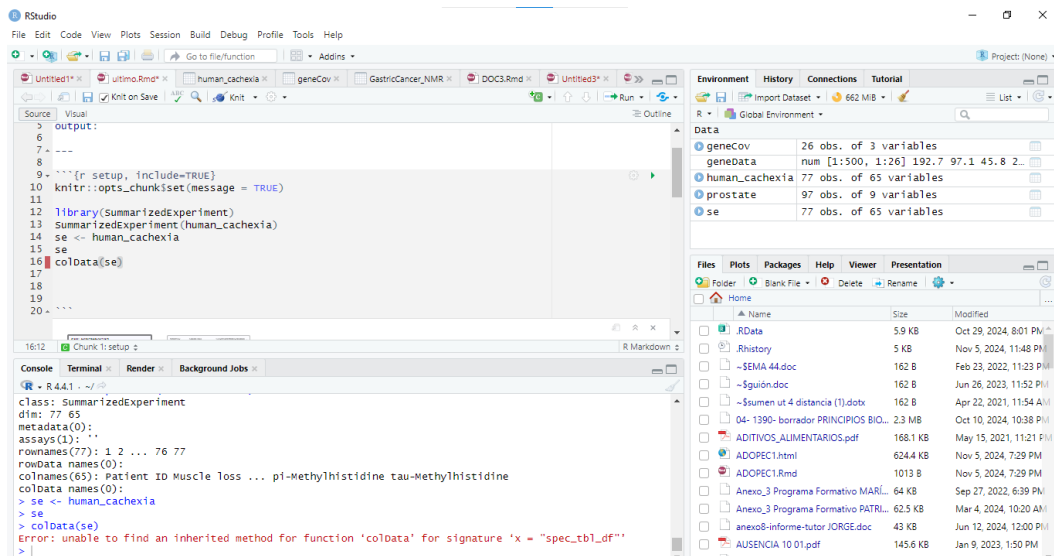
Operaciones comunes

Extracción de subconjuntos:

Extraer 5 filas y 3 primeras columnas `se[1:5, 1:3]`



Rango de filas rowRanges(se): error por no instalación de sparseMatrixStats, DelayedMatrixStats (error de instalación reseñado al principio)



Descripción de las columnas (medidas de metabolitos) mismo error que anterior

El comando sería `colData(se)`

Construcción del contenedor

Propuesta de comandos

Se establecen las dimensiones,

```
nrows <- 10
```

```
ncols <- 6
```

```
counts <- matrix(runif(nrows * ncols, 1, 1e2), nrows)
```

```
rowRanges <- GRanges(rep(c("PIF_178", " PIF_115"), c( ---- - - - - - - - - - - )),
```

```
ColData <- DataFrame
```

```
    row.names=
```

```
SummarizedExperiment(assays=list(counts=counts),
```

```
    rowRanges=rowRanges, colData=colData)
```

6. Conclusión

Interacción con la aplicación limitada por la imposibilidad del uso de los paquetes necesarios, aún queda entendido la estructura o pautas a seguir para la elaboración del contenedor.

7. Fuentes de información

<https://www.bioconductor.org/packages/devel/bioc/vignettes/SummarizedExperiment/inst/doc/SummarizedExperiment.html#assays>

<https://support.bioconductor.org/p/9141394/>