

## Temario Curso R

1. Instalación de R
  1. Repaso de UNIX
  2. Comandos *./configure* y *make*
2. Tipos de dato en R
  1. Vectores
  2. Matrices
  3. Data frames
  4. Listas
  5. Factores
3. Control de flujo: loops *for* y *while*
4. Input/Output en R:
  1. Funciones: *read.table* y *scan*
  2. Función: *write.table*
  3. Funciones: *sink* y *save/load*
5. Funciones en R
  1. Funciones comunes:
    1. Exploración de datos: *print*, *str*, *head*, *tail*, *attributes*, *names*, *colnames*, *rownames*, *dimnames*, *dim*
    2. Interacción con terminal: *getwd*, *setwd*, *list.files*
    3. Estadísticas/matemáticas: *sum*, *mean*, *sd*, *min*, *max*
    4. Otras: *paste*, *strsplit*, *c*, *seq*, *rep*, *sort*, *order*
  2. Creación de funciones
  3. Ambientes y alcance de variables
  4. Familia de funciones *apply* y factores
  5. Funciones como objetos:
    1. Funciones que reciben funciones
    2. Funciones que regresan funciones
6. Instalación de paquetes en R
7. Gráficas de la base de R
  1. Márgenes y areas

2. Función: *par()*
  1. Opciones: *fig*, *oma* y *plt*
  2. Opciones: *mfrow*, *mfcop* y *mfg*
  3. Opción: *usr*
3. Función: *layout*
4. Funciones: *plot*, *lines*, *barplot*, *pie*, *hist*, *boxplot* y *heatmap*
  1. Parametros comunes: *main*, *xlab*, *ylab*, *xlim*, *ylim*, *lwd*, *lty*, *cex*, *col*.
8. Gráficas avanzadas en R:
  1. Paquetes *grid* y *gridBase*
    1. Viewports
    2. Objetos de tipo *grob*
      1. Funciones *grid.edit* y *editGrob*
  2. Nociones de *lattice* y *ggplot2*
9. Optimización de código en R
  1. Vectorización
  2. Crecimiento de objetos
  3. Familia de funciones *apply*
10. Bioconductor
  1. Instalación de *Bioconductor*
  2. Instalación de paquetes de *Bioconductor*
  3. Paquete *biomaRt* (descarga de datos genómicos de BioMart)
  4. Paquete *genomicRanges* (operaciones con rangos genómicos)
  5. Paquete *bioStrings* (operaciones con secuencias genómicas)
  6. Paquete *ShortRead* (operaciones y filtrado de secuencias pequeñas)
  7. Paquete *Rsamtools* (operaciones con lecturas alineadas)