

RNA-Seq

Aula 2: RStudio e Instalação de pacotes

http://bit.ly/2IXMbRn

Edgar Kozlova Gabriela Luiz

O Curso

Pré requisitos: Notebook, WiFi, Notepad++, R e Rstudio

Programação das aulas:

- 1. Banco de dados: NCBI/SRA NCBI/GEO
- 2. RStudio e Instalação de pacotes edgeR, limma, pheatmap, gplots, ROTS
- 3. Normalização e Análise Diferencial voom, RPKM, FPKM, TPM, CPM, counts
- 4. Análise Diferencial e Visualização Script, MAplot, VolcanoPlot, Heatmap, Venn

Objetivo

Apresentar RStudio

Interface principal Carregar pasta de trabalho Visualizar variáveis Salvar script

Instalar os pacotes

edgeR, limma, pheatmap, gplots, ROTS Carregar pacotes

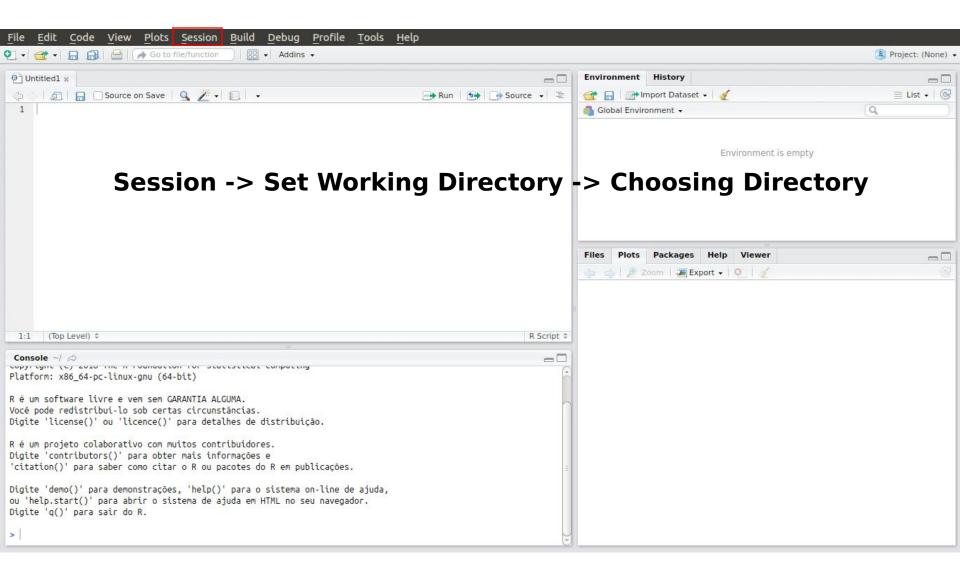
Ler arquivo de contagens

GSE107218_CBPB-hg19-counts

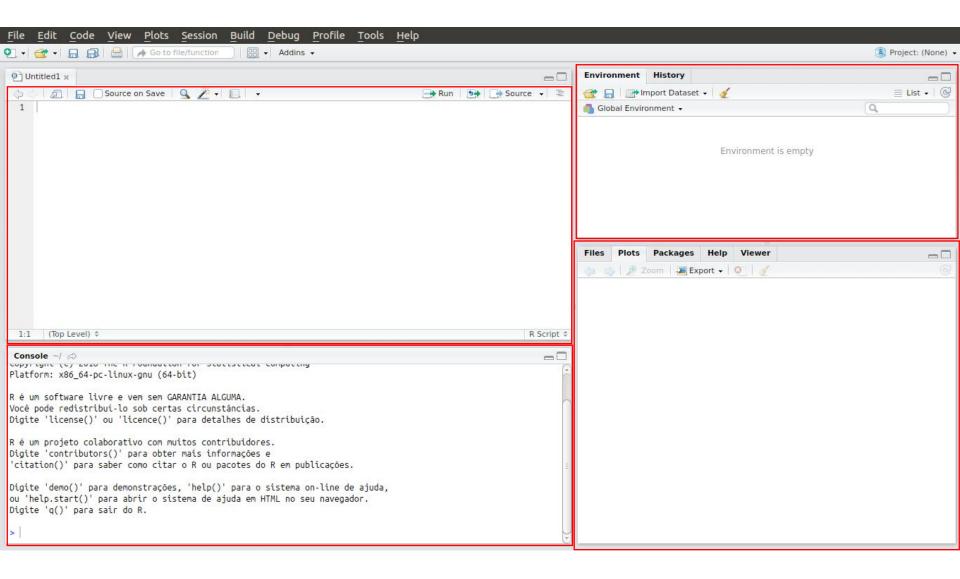
RSTUDIO

Interface principal
Carregar pasta de trabalho
Visualizar variaveis
Salvar script

Interface Principal



Interface Principal



Script

```
Untitled1* x
                                                                                                Source -
\begin{array}{ccc} & x = c(1,2,3,4,5) \\ & y = c(5,4,3,2,1) \\ & & plot(x,y) \end{array}
       (Top Level) $
 4:1
                                                                                                              R Script $
```

Console

```
Você pode redistribuí-lo sob certas circunstâncias.

Digite 'license()' ou 'licence()' para detalhes de distribuição.

R é um projeto colaborativo com muitos contribuidores.

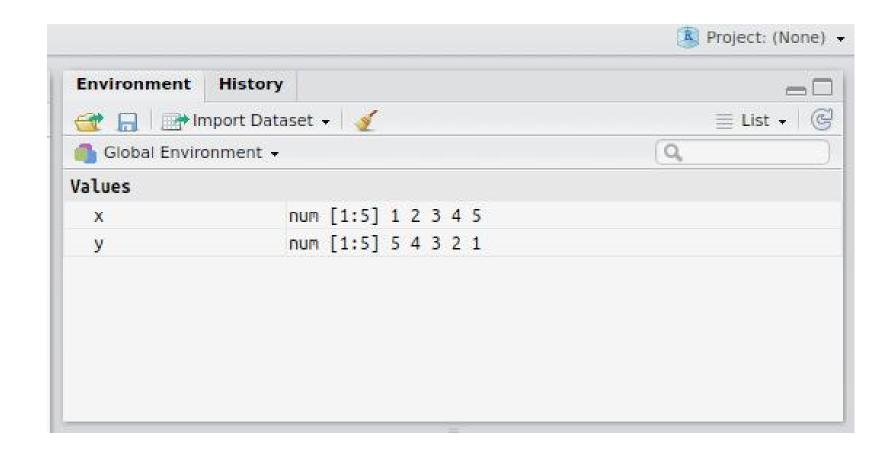
Digite 'contributors()' para obter mais informações e 'citation()' para saber como citar o R ou pacotes do R em publicações.

Digite 'demo()' para demonstrações, 'help()' para o sistema on-line de ajuda, ou 'help.start()' para abrir o sistema de ajuda em HTML no seu navegador.

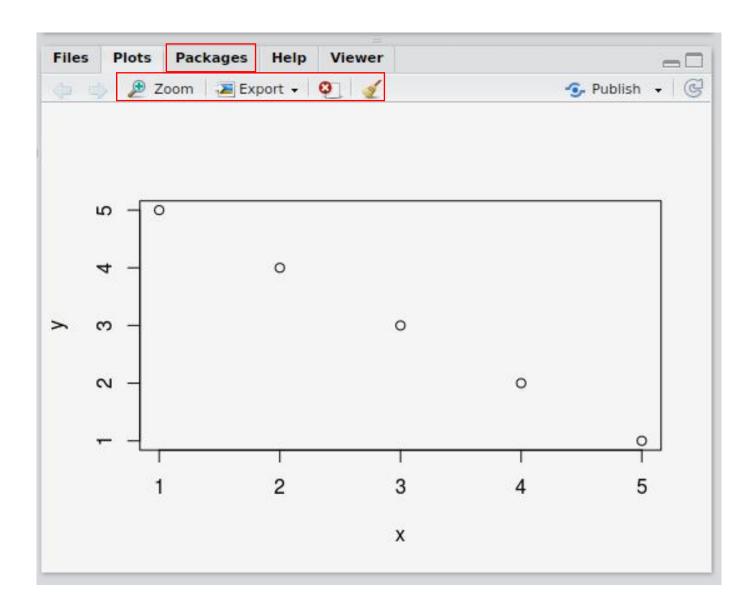
Digite 'q()' para sair do R.

> x <- c(1,2,3,4,5)
> y <- c(5,4,3,2,1)
> plot(x,y)
>
```

Variáveis



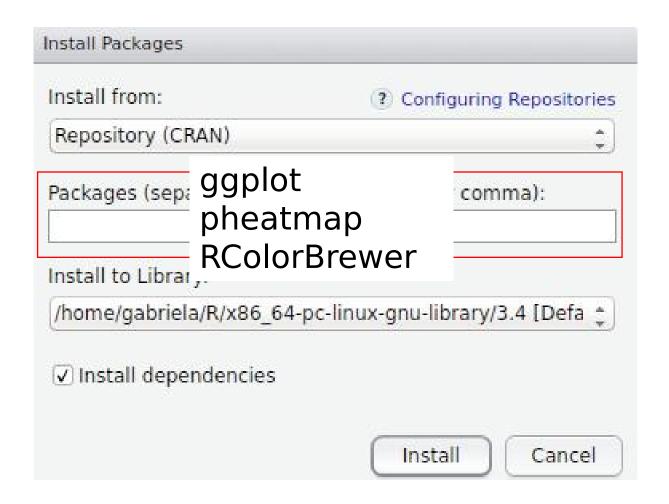
Visualização



Instalar pacotes

File	s Plots Pack	cages Help Viewer			
Install Dupdate		Q		E	
	Name	Description	Version		
Jse	r Library				1
	acepack	ACE and AVAS for Selecting Multip Regression Transformations	le 1.4.1	0	
	AnnotationDbi	Annotation Database Interface	1.40.0	0	
	backports	Reimplementations of Functions In Since R-3.0.0	troduced 1.1.2	0	
	base64enc	Tools for base64 encoding	0.1-3	0	
	bindr	Parametrized Active Bindings	0.1.1	0	
	bindrcpp	An 'Rcpp' Interface to Active Bindi	ngs 0.2.2	0	1
	biomaRt	Interface to BioMart databases (e. Ensembl, COSMIC, Wormbase and		0	
	caTools	Tools: moving window statistics, G Base64, ROC AUC, etc.	IF, 1.17.1	0	
	checkmate	Fast and Versatile Argument Check	ks 1.8.5	0	
	corrr	Correlations in R	0.2.1	0	Ī
	CountClust	Clustering and Visualizing RNA-Sec Expression Data using Grade of Me Models		0	
	data.table	Extension of 'data.frame'	1.10.4-3	0	1

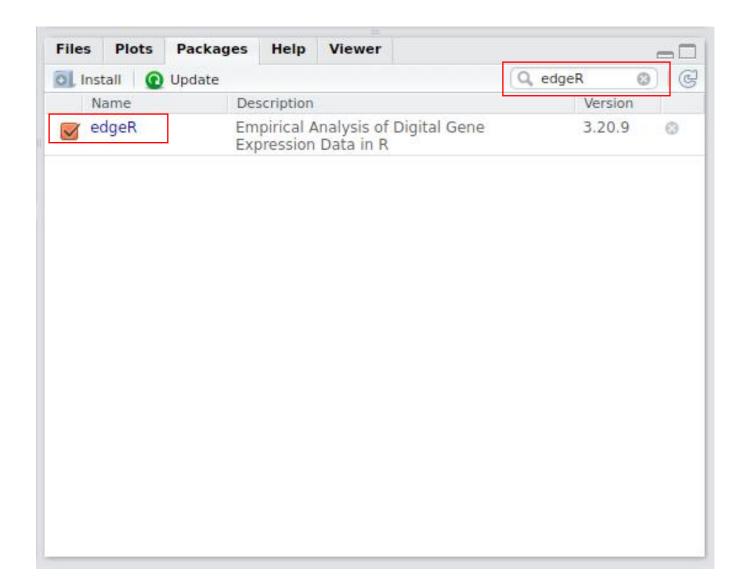
CRAN



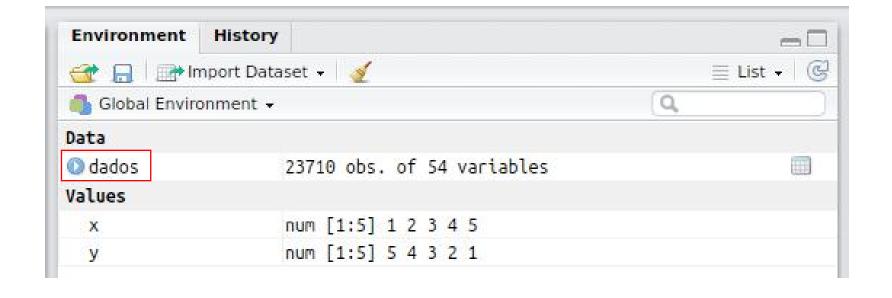
Bioconductor

```
Console -/
Você pode redistribuí-lo sob certas circunstâncias.
Digite 'license()' ou 'licence()' para detalhes de distribuição.
R é um projeto colaborativo com muitos contribuidores.
Digite 'contributors()' para obter mais informações e
'citation()' para saber como citar o R ou pacotes do R em publicações.
Digite 'demo()' para demonstrações, 'help()' para o sistema on-line de ajuda,
ou 'help.start()' para abrir o sistema de ajuda em HTML no seu navegador.
Digite 'q()' para sair do R.
source("https://bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite("edgeR")
> biocLite("ROTS")
```

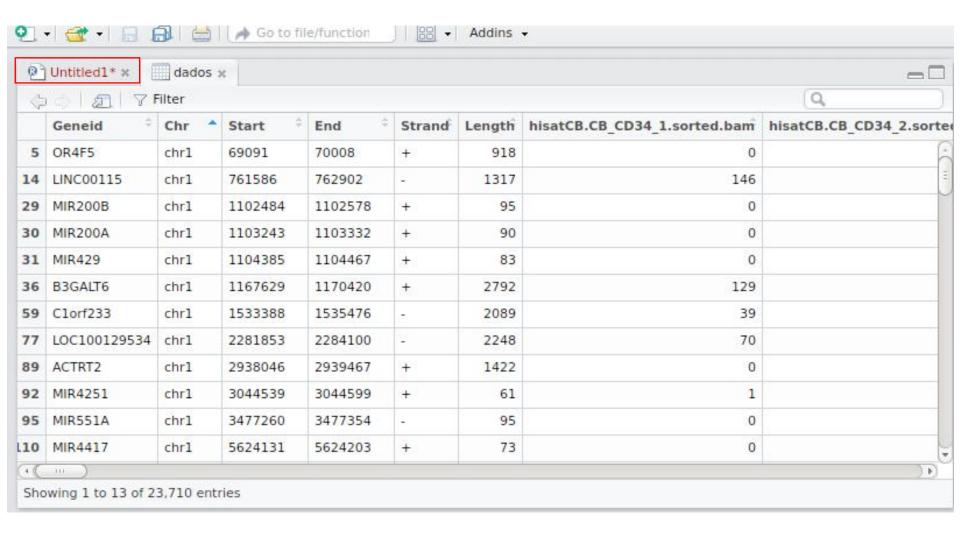
Carregar pacotes



Carregar arquivos



Carregar arquivos



DÚVIDAS?