

Introdução à bioestatística utilizando Python

Dia 02 - Instalando Python e UV

PhD Flávio Lichtenstein

Bioinformatics, Systems Biology, and Biostatistics

Instituto Butantan – CENTD - Bioinformática

Janeiro 2026



Porque mais um ambiente de gerenciamento de
projetos e bibliotecas (pacotes Python)?

Porque mais um ambiente de gerenciamento de
projetos e bibliotecas (pacotes Python)?

Porque temos que ter reproduzibilidade COMPUTACIONAL!

Controle de:

1. Versão
2. Bibliotecas/Pacotes
3. Código
4. Dados

UV é muito rápido

Onde perde para Anaconda: não inclui R.

Linux/Mac: instalando UV e Python (p.ex. versão 3.11)

<https://docs.astral.sh/uv/getting-started/installation/>

Instalando uv:

```
$ wget -qO- https://astral.sh/uv/install.sh | sh
```

ou

```
$ pip install uv
```

Checando:

```
$ uv
```

Instalando Python em Linux:

```
$ uv python install 3.11
```

Windows: instalando UV e Python ([p.ex.](#) versão 3.11)

https://docs.astral.sh/uv/getting-started/installation/#_tabbed_1_2

Instalando uv:

```
PS> powershell -ExecutionPolicy ByPass -c "irm https://astral.sh/uv/install.ps  
ou  
pip install uv
```

Checando:

```
PS> uv
```

Instalando Python em Windows:

```
PS> uv python install 3.11
```

Define um diretório público e crie ‘biostat2026’

Diretório público em Linux:

```
~/biostat2026$
```

Diretório público em Windows:

```
PS> C:\Users\Public\biostat2026
```

A partir daqui nos referenciamos como biostat2026

Criando um projeto com uv

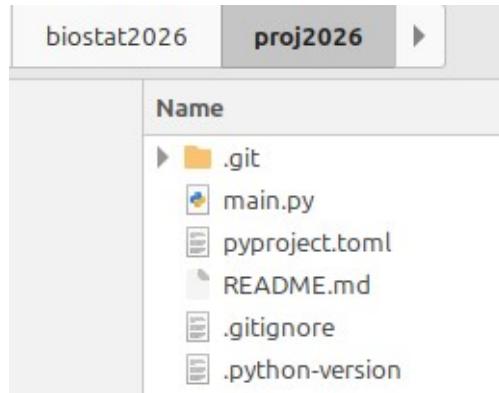
Criando 'proj2026'

```
biostat2026$ uv init proj2026
```

Projeto criado:

```
biostat2026$ tree proj2026/
```

```
proj2026/
└── main.py
└── pyproject.toml
└── README.md
```



Editando o projeto

Edite: pyproject.toml

```
[project]
name = "proj2026"
version = "0.1.0"
description = "Aula de bioestatística (2016)"
readme = "README.md"
requires-python = ">=3.11"
dependencies = [
    "numpy",
    "pandas",
    "requests",
    "scikit-learn",
    "statsmodels",
    "matplotlib",
    "seaborn",
    "plotly",
    "kaleido",
    "jupyter",
    "biopython>=1.86",
    "biomart>=0.9.2",
    "openpyxl>=3.1.5",
    "dask>=2026.1.1",
    "decorator>=5.2.1",
    "docutils>=0.22.4",
    "entrypoints>=0.4",
    "flask>=3.1.2",
    "networkx>=3.6.1",
    "graphviz>=0.21",
    "spacy>=3.7.5",
    "scispacy>=0.5.5",
    "nltk>=3.9.2",
]
[tool.uv]
package = true

[build-system]
requires = ["setuptools>=64"]
build-backend = "setuptools.build_meta"

[tool.setuptools.packages.find]
where = ["src"]
```

Atualizando o projeto

Atualizando toml dependencies:

```
biostat2026$ uv sync --upgrade
```

como rodar pip sobre requirements.txt

Instalando e Removendo pacotes

Instalando pacotes:

```
biostat2026$ uv add flask
```

similar a pip install <package>

Removendo pacotes:

```
biostat2026$ uv pip uninstall flask
```

Listando pacotes

Listando pacotes:

```
biostat2026$ uv pip list
```

Decolando jupyter lab

Jupyter Lab

```
biostat2026$ uv run --with jupyter jupyter lab
```

Copie fontes e dados

Fontes:

Pegue os códigos de ‘day02c - python - introdução’ em coloque em ‘src’

Dados:

Crie o diretório ‘data’ em paralelo com ‘src’

Baxe os dados fornecidos e copie em ‘data’

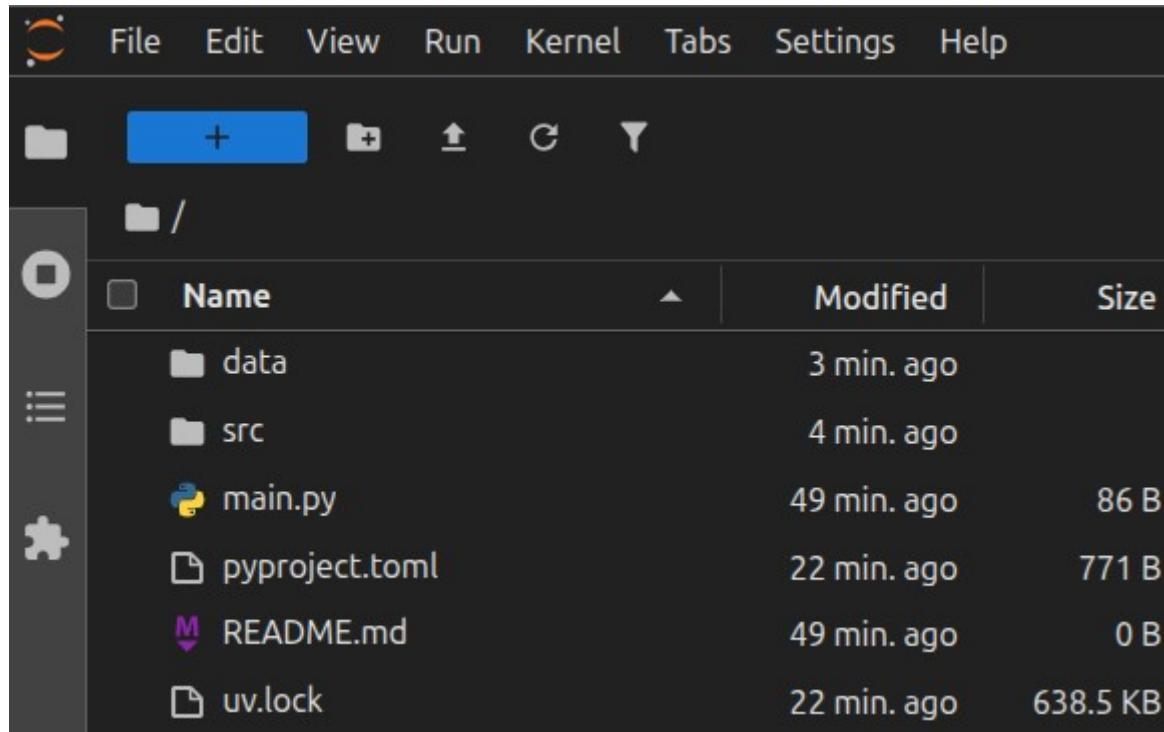
Explorer/Nemo

No seu gerenciador de arquivos poderá ver:

Name	Size	Type	Date Modified
▶ data	30 items	Folder	2026-01-22 11:18:15
▶ src	10 items	Folder	2026-01-22 11:16:32
▶ .git	8 items	Folder	2026-01-22 10:31:53
▶ .venv	9 items	Folder	2026-01-22 10:58:56
main.py	86 bytes	Text	2026-01-22 10:31:53
pyproject.toml	771 bytes	Text	2026-01-22 10:58:40
README.md	0 bytes	Document	2026-01-22 10:31:53
uv.lock	653,8 kB	Text	2026-01-22 10:58:43
.gitignore	109 bytes	Text	2026-01-22 10:31:53
.python-version	5 bytes	Text	2026-01-22 10:31:53

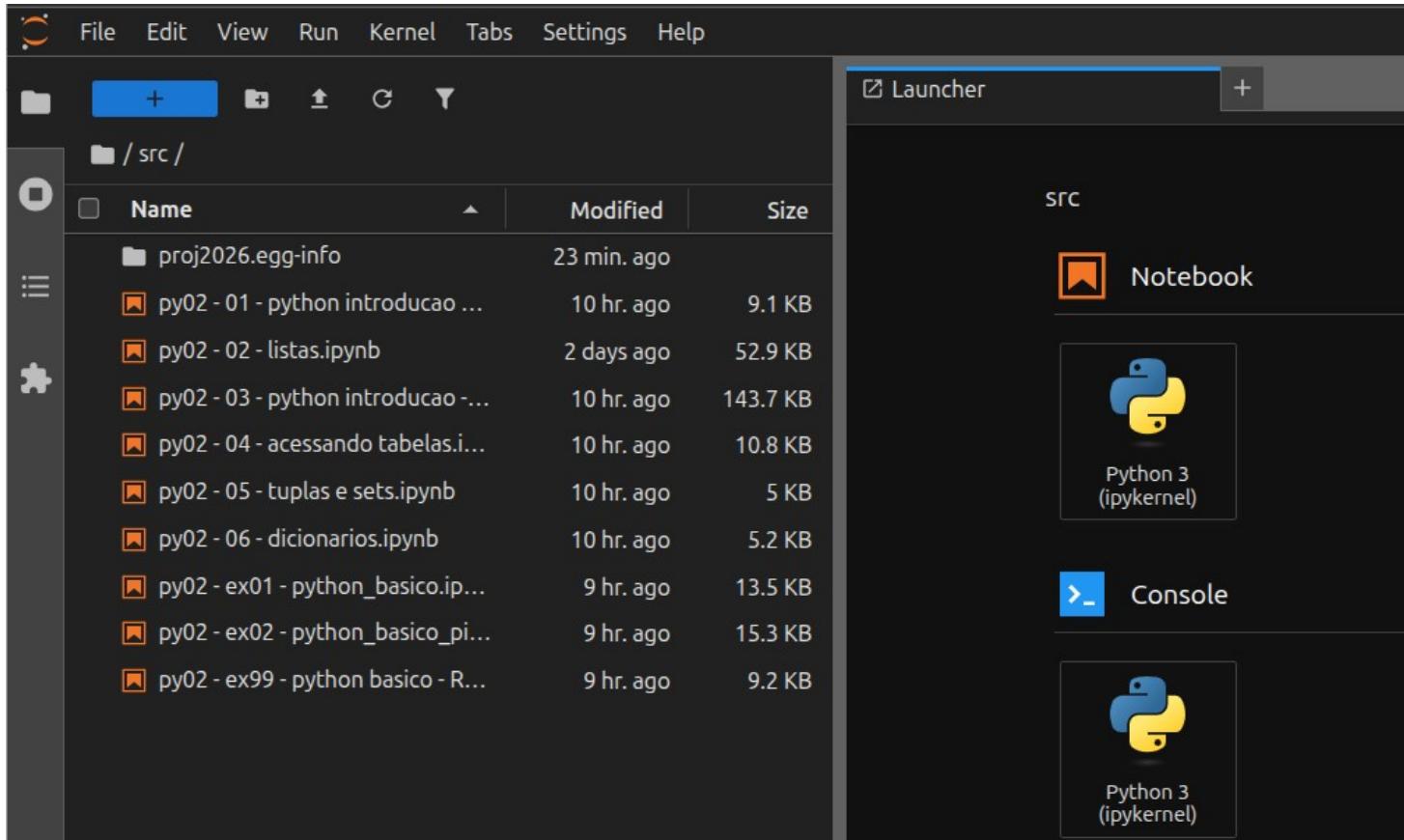
Jupyter Lab

No seu Jupyter Lab poderá ver:



Jupyter Lab

Clicando em 'src':



Obrigado Perguntas?



PhD Flávio Lichtenstein

Bioinformatics & Systems Biology Lab
Molecular Biology Lab
Development and Innovation Center (CDI)

flavio.lichtenstein@butantan.gov.br



centre of
excellence
in new target
discovery