
CURSO PRÁCTICO DE **BIOINFORMÁTICA**

Guillermo G. Torres

INTRODUCCIÓN

- **Biologo Computacional en el Instituto de Biología Molecular Clínica (ICMB) desde 2015.**
 - Análisis de expresión diferencial en Hydra. Micorarreglos y RNAseq.
 - Estudio de SNPs candidatos asociados a longevidad a través de GWAS (microarreglo ExomeChip)
 - Genetica de la longevidad e interacciones con el microbioma del huésped (host-microbiome)
 - Redes de co-ocurrencia microbiana a lo largo de los procesos de envejecimiento

Guillermo G. Torres PhD.(c)
Genetics of human longevity group
g.torres@ikmb.uni-kiel.de



POR QUÉ HACER ESTE CURSO?

- El **último siglo** nos hemos preocupado por **generar datos**.
 - **Ahora** tenemos muchos datos y **necesitamos analizarlos**
 - **Necesitamos personas que analicen los datos!**
-

SOBRE EL CURSO

- Manejo de lenguaje R
 - Sintaxis, computo, visualización. (Día 1-4)
 - Estadística básica y análisis exploratorio de datos HD
 - diferencias significativas, visualización (Día 2-4)
 - RNAseq
 - mapeo, conteo, expresión diferencial, visualización (Día 3-4)
-

QUÉ ES R?

- Lenguaje para computación estadística
 - Implementación “open-source” de S
 - Incluye bastantes técnicas estadísticas
 - Capacidad gráfica y de visualización (alta flexibilidad)
 - Extensible y escalable
-

VENTAJAS DE R

- Fuente abierta (open-source) **Gratis!**
 - Superior en generación de gráficos (especialmente para ciencias)
 - Interfaz de comandos (incrementa la flexibilidad)
 - Reproducibilidad a través de scripts
 - Paquetes de R: extensibilidad
 - Gran soporte a través de la alta participación de la comunidad de desarrolladores.
-

DESVENTAJAS DE R

- Fácil de aprender pero difícil de dominar
 - Línea de comandos atemoriza al principio
 - Código pobremente escrito es difícil leer y mantener
 - Código pobremente escrito es lento.
-

ELEMENTOS DE R

- Variables
 - Vectores
 - Listas
 - data frames
 - Matrices
-

VAMOS A LAS GUÍAS
