**Curso: Programación en R e introducción a la escritura de paqueterías.**

Imparte: M.C. Joselyn Chávez

Institución de procedencia: Instituto de Biotecnología, UNAM. Cuernavaca, México.

Contacto: [joselynchavezf@gmail.com](mailto:joselynchavezf@gmail.com)

Página personal: <http://josschavezf.github.io>

Twitter: @josschavezf1

**Presentación del curso:**

Durante los últimos años, el uso del lenguaje de programación R se ha incrementado considerablemente; particularmente se ha popularizado su uso para la generación, análisis y presentación de datos en el campo científico. Con el fin de generar métodos de análisis reproducibles, la generación de funciones y paqueterías se vuelve fundamental. Actualmente existen 1741 paquetes disponibles en Bioconductor, que abarcan temas diversos desde visualización de datos, hasta métodos estadísticos y análisis genómicos. En este curso se mostrará cómo escribir funciones en R, cuáles son los repositorios de paqueterías disponibles y cómo utilizarlos. Además, se mostrarán los elementos básicos de una paquetería y cómo escribir paso a paso nuestros propios paquetes.

Nivel: Avanzado.

Número de sesiones: 4

Horas por sesión: 5

**Requerimientos:**

* Instalar R última versión.
* Instalar RStudio última versión.

**Temario**

|  |  |
| --- | --- |
| **Sesión** | **Temas a cubrir** |
| Sábado 1 | 1. Tipos de variables y arreglo de datos en R. 2. Comandos para programación: búsqueda, ordenamiento y selección de datos. 3. Funciones: estrutura y sintaxis. |
| Domingo 1 | 1. Repositorios de paqueterías en R: Instalación y uso de paquetes. 2. Inicialización de un proyecto: elementos de una paquetería. |
| Sábado 2 | 1. Metadatos de una paquetería. 2. Documentación de funciones: devtools y roxygen2. 3. Viñetas. |
| Domingo 2 | 1. Evaluación de funciones. 2. Dependencias y permisos. |

**CV resumido**

**Nombre**: Joselyn Cristina Chávez Fuentes

De formación soy Ingeniero Biotecnólogo, graduada por el Instituto Politécnico Nacional de México, realicé mi tesis de Licenciatura en el CINVESTAV, Irapuato en el área de epigenética de plantas, estudiando factores reguladores del crecimiento de raíz y nodulación en *P. vulgaris*. Realicé mis estudios de maestría en Ciencias Bioquímicas en el Instituto de Biotecnología de la UNAM, enfocada en el estudio de la regulación de retrotransposones teloméricos en *D. melanogaster.* En 2017 comencé mis estudios de doctorado en el laboratorio de genómica computacional bajo la tutoría del Dr. Enrique Merino, mi proyecto se enfoca en el análisis *in silico* de reguladores transcripcionales en bacterias, con particular interés en el superfilum PVC.

Comencé a utilizar el lenguaje R en 2016, durante los dos últimos años he tomado cursos para la escritura de paqueterías de R impartidos por la Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática (CDSB México). Actualmente tengo una colaboración con el grupo de Genómica Computacional del Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM desarrollando un paquete que permite acceder y manejar la información de la base de datos regulonDB desde el ambiente de R. Adicionalmente, estoy desarrollando un paquete de R que permite describir y analizar los reguladores transcripcionales en bacterias por grupos de ortología. En 2019 me fue otorgada una beca para asistir al Bioconductor Conference en NYC, donde presenté una plática sobre la paquetería regutools. Actualmente, soy miembro de la Sociedad Mexicana de Bioinformática, soy miembro de los organizadores del CDSB México y fundadora de la comunidad R-Ladies Cuernavaca, una organización que promueve el uso y desarrollo de software en R con perspectiva de género. Mi contribución académica contempla dos publicaciones y un manuscrito en preparación.

Mis intereses profesionales se centran en la bioinformática enfocada en la regulación transcripcional, la epigenética y el desarrollo de software. Utilizo principalmente los lenguajes perl y R para mi proyecto de investigación.