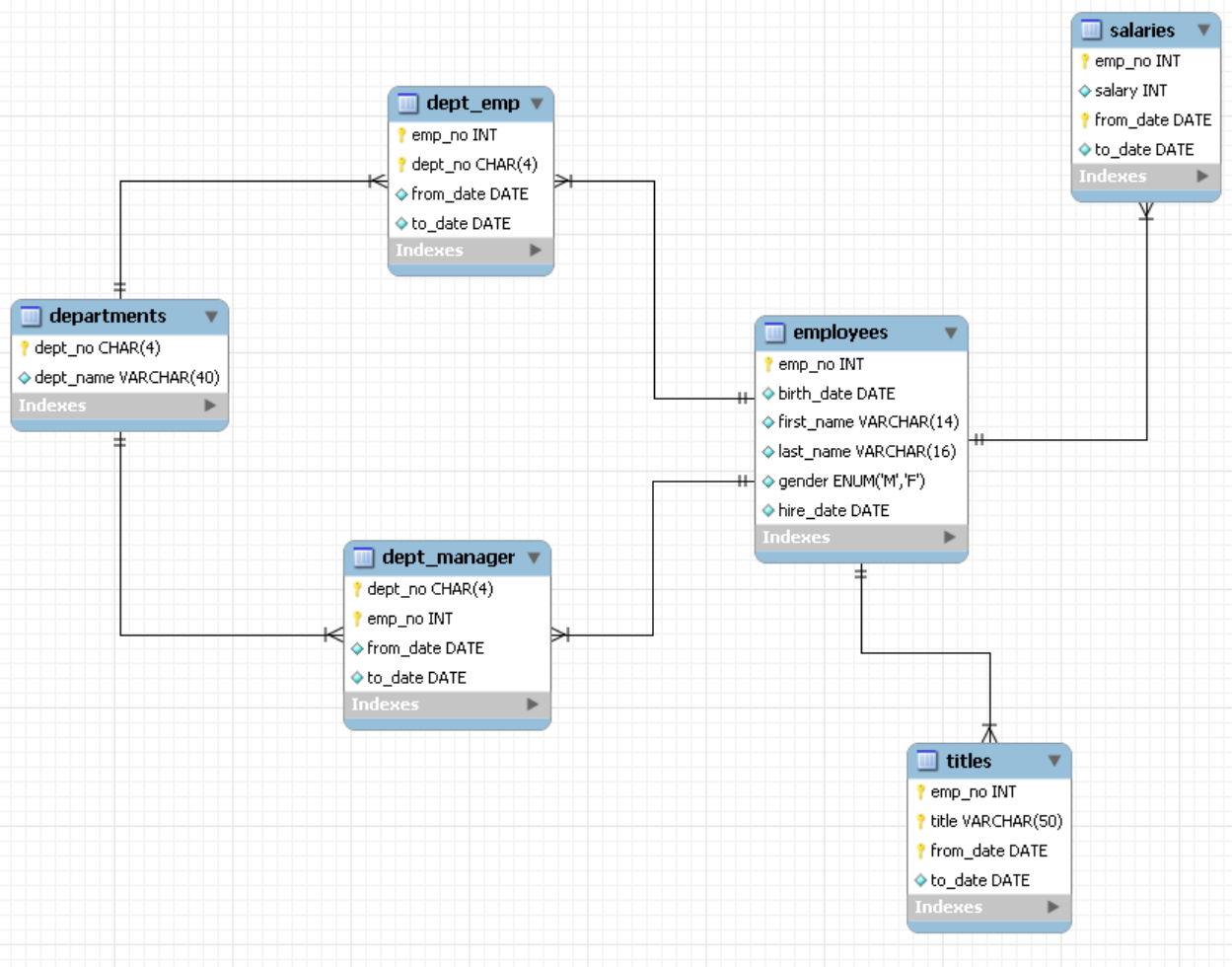
# semana_2

Luis Ambrocio

/tableofcontents

## Leyendo MySQL

- Software de base de datos de código abierto gratuito y ampliamente utilizado
- Ampliamente utilizado en aplicaciones basadas en Internet.
- Los datos están estructurados en
  - Bases de datos
  - Tablas dentro de bases de datos
  - Campos dentro de tablas
- Cada fila se llama registro



primero se installa MySQL

http://dev.mysql.com/doc/refman/5.7/en/installing.html

luego intsalar RMySQL

- Official instructions - http://biostat.mc.vanderbilt.edu/wiki/Main/RMySQL (may be useful for Mac/UNIX users as well)
- Potentially useful guide - http://www.ahschulz.de/2013/07/23/installing-rmysql-under-windows/

conectar y enumerar bases de datos

```
ucscDb <- dbConnect(MySQL(),user="genome",
                    host="genome-mysql.cse.ucsc.edu")
result <- dbGetQuery(ucscDb,"show databases;"); dbDisconnect(ucscDb);
```

```
[1] TRUE
```

```
result
```

| | Database |
|---|---|
| 1 | information_schema |
| 2 | ailMel1 |
| 3 | allMis1 |
| 4 | anoCar1 |
| 5 | anoCar2 |
| 6 | anoGam1 |
| 7 | apiMel1 |

Conexión a hg19 y listas de tablas

```
hg19 <- dbConnect(MySQL(),user="genome", db="hg19",
                  host="genome-mysql.cse.ucsc.edu")
allTables <- dbListTables(hg19)
length(allTables)
```

```
[1] 10949
```

```
allTables[1:5]
```

```
[1] "HInv"         "HInvGeneMrna" "acembly"      "acemblyClass" "acemblyPep"
```

obteniendo dimenciones de una tabla especifica

```
dbListFields(hg19,"affyU133Plus2")
```

```
 [1] "bin"         "matches"     "misMatches"  "repMatches"  "nCount"      "qNumInsert"
 [7] "qBaseInsert" "tNumInsert"  "tBaseInsert" "strand"      "qName"       "qSize"
[13] "qStart"      "qEnd"        "tName"       "tSize"       "tStart"      "tEnd"
[19] "blockCount"  "blockSizes"  "qStarts"     "tStarts"
```

```
dbGetQuery(hg19, "select count(*) from affyU133Plus2")
```

```
  count(*)
1    58463
```

leyendo de la tabla

```
affyData <- dbReadTable(hg19, "affyU133Plus2")
head(affyData)
```

```
  bin matches misMatches repMatches nCount qNumInsert qBaseInsert tNumInsert tBaseInsert strand
1 585     530          4          0     23          3          41          3         898      -
2 585    3355         17          0    109          9          67          9       11621      -
3 585    4156         14          0     83         16          18          2          93      -
4 585    4667          9          0     68         21          42          3        5743      -
5 585    5180         14          0    167         10          38          1          29      -
6 585     468          5          0     14          0           0          0           0      -
         qName qSize qStart qEnd tName     tSize tStart  tEnd blockCount
1  225995_x_at   637      5  603  chr1 249250621  14361 15816          5
2  225035_x_at  3635      0 3548  chr1 249250621  14381 29483         17
3  226340_x_at  4318      3 4274  chr1 249250621  14399 18745         18
4 1557034_s_at  4834     48 4834  chr1 249250621  14406 24893         23
5    231811_at  5399      0 5399  chr1 249250621  19688 25078         11
6    236841_at   487      0  487  chr1 249250621  27542 28029          1
                                                          blockSizes
1                                                 93,144,229,70,21,
```

seleccionando un subconjunto especifico

```
query <- dbSendQuery(hg19, "select * from affyU133Plus2 where misMatches between 1 and 3")
affyMis <- fetch(query); quantile(affyMis$misMatches)
```

```
  0%  25%  50%  75% 100%
   1    1    2    2    3
```

```
affyMisSmall <- fetch(query,n=10); dbClearResult(query);
```

```
[1] TRUE
```

```
dim(affyMisSmall)
```

cerrar la conexion

```
dbDisconnect(hg19)
```

```
[1] TRUE
```

### Recursos adicionales

- Viñeta RMySQL http://cran.r-project.org/web/packages/RMySQL/RMySQL.pdf
- Lista de comandos http://www.pantz.org/software/mysql/mysqlcommands.html
  - **No, no elimine, agregue o combine elementos de ensembl. Solo seleccione .**
  - En general, tenga cuidado con los comandos mysql
- Una buena publicación de blog que resume algunos otros comandos http://www.r-bloggers.com/mysql-and-r/
- http://en.wikipedia.org/wiki/MySQL
- http://www.mysql.com/

## Leyendo HD5F

HDF5

- Se utiliza para almacenar grandes conjuntos de datos.
- Admite el almacenamiento de una variedad de tipos de datos
- Formato de datos jerárquico
- *grupos* que contienen cero o más conjuntos de datos y metadatos
  - Tener un *encabezado de grupo* con el nombre del grupo y una lista de atributos
  - Tener una *tabla de símbolos de grupo* con una lista de objetos en el grupo
- *datasets* matriz multidimensional de elementos de datos con metadatos
  - Tener un *encabezado* con nombre, tipo de datos, espacio de datos y diseño de almacenamiento
  - Tener un *data array* con los datos

http://www.hdfgroup.org/

```
invisible(if(file.exists("example.h5")){file.remove("example.h5")})
```

```
library(rhdf5)
file <- h5createFile("example.h5")
file
```

```
## [1] TRUE
```

- Esto instalará paquetes de Bioconductor http://bioconductor.org/, que se usa principalmente para genómica pero también tiene buenos paquetes de "big data"
- Se puede utilizar para interactuar con conjuntos de datos hdf5.
- Esta conferencia se basa muy de cerca en el tutorial de rhdf5 que se puede encontrar aquí http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/rhdf5/inst/doc/rhdf5.pdf

crear grupos

```
created = h5createGroup("example.h5","foo")
created = h5createGroup("example.h5","baa")
```

```
created = h5createGroup("example.h5","foo/foobaa")
h5ls("example.h5")
```

```
##   group   name     otype dclass dim
## 0     /    baa H5I_GROUP
## 1     /    foo H5I_GROUP
## 2  /foo foobaa H5I_GROUP
```

Escribir a grupos

```
A = matrix(1:10,nr=5,nc=2)
h5write(A, "example.h5","foo/A")
B = array(seq(0.1,2.0,by=0.1),dim=c(5,2,2))
attr(B, "scale") <- "liter"
h5write(B, "example.h5","foo/foobaa/B")
h5ls("example.h5")
```

```
##         group   name       otype  dclass       dim
## 0           /    baa   H5I_GROUP
## 1           /    foo   H5I_GROUP
## 2        /foo      A H5I_DATASET INTEGER     5 x 2
## 3        /foo foobaa   H5I_GROUP
## 4 /foo/foobaa      B H5I_DATASET   FLOAT 5 x 2 x 2
```

escribir un conjunto de datos

```
df = data.frame(1L:5L,seq(0,1,length.out=5),
  c("ab","cde","fghi","a","s"), stringsAsFactors=FALSE)
h5write(df, "example.h5","df")
h5ls("example.h5")
```

```
##         group   name       otype   dclass       dim
## 0           /    baa   H5I_GROUP
## 1           /     df H5I_DATASET COMPOUND         5
## 2           /    foo   H5I_GROUP
## 3        /foo      A H5I_DATASET  INTEGER     5 x 2
## 4        /foo foobaa   H5I_GROUP
## 5 /foo/foobaa      B H5I_DATASET    FLOAT 5 x 2 x 2
```

leyendo datos

```
readA = h5read("example.h5","foo/A")
readB = h5read("example.h5","foo/foobaa/B")
readdf= h5read("example.h5","df")
readA
```

```
##      [,1] [,2]
## [1,]    1    6
## [2,]    2    7
## [3,]    3    8
## [4,]    4    9
## [5,]    5   10
```

Fragmentos de escritura y lectura

```
h5write(c(12,13,14),"example.h5","foo/A",index=list(1:3,1))
h5read("example.h5","foo/A")
```

```
##      [,1] [,2]
```

```
## [1,]   12    6
## [2,]   13    7
## [3,]   14    8
## [4,]    4    9
## [5,]    5   10
```

### Notas y otros recursos

- hdf5 se puede utilizar para optimizar la lectura / escritura desde el disco en R
- El tutorial de rhdf5:
  - http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/rhdf5/inst/doc/rhdf5.pdf
- El grupo HDF tiene información sobre HDF5 en general http://www.hdfgroup.org/HDF5/

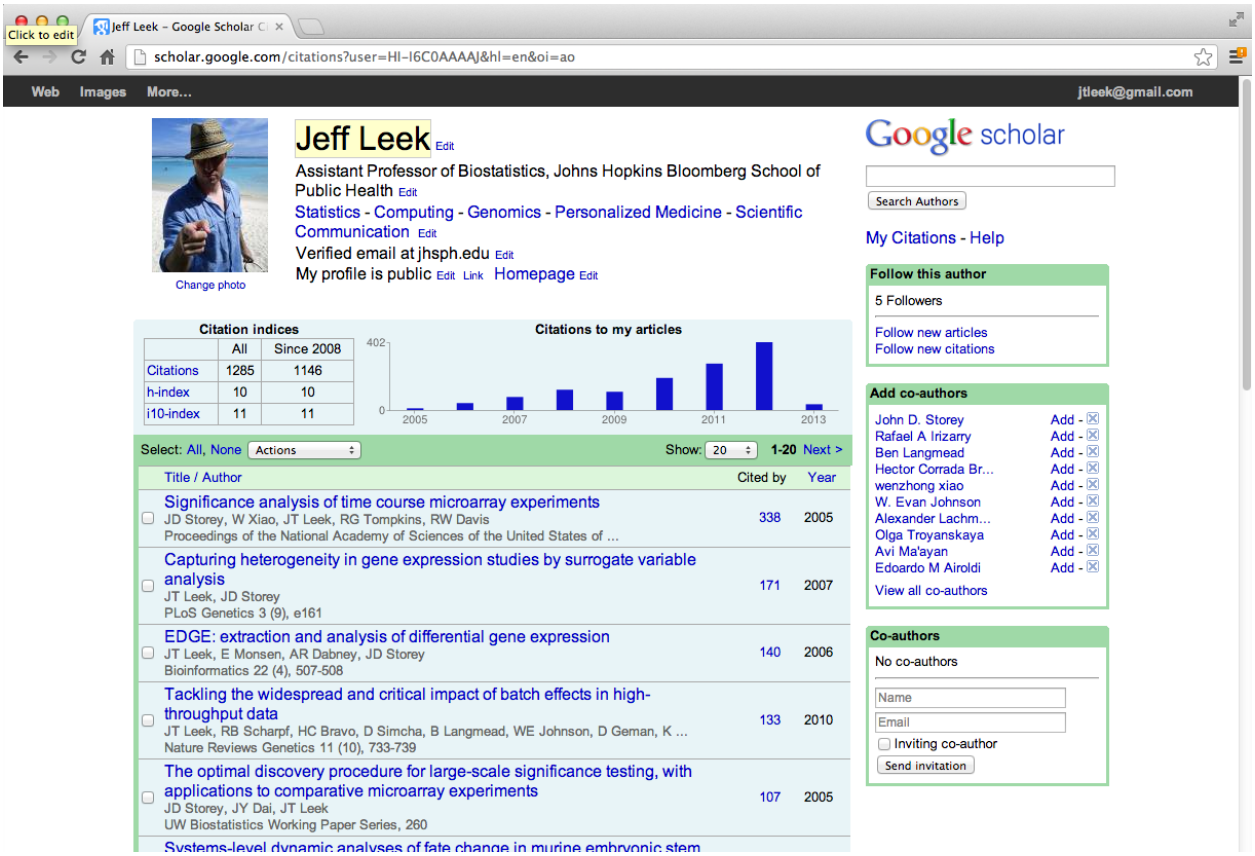
## Leyendo datos de la web

Webscraping

**Webscraping**: Extracción de datos de forma programada del código HTML de sitios web.

- Puede ser una excelente manera de obtener datos [Cómo Netflix hizo ingeniería inversa a Hollywood] (http://www.theatlantic.com/technology/archive/2014/01/how-netflix-reverse-engineered-hollywood/282679/)
- Muchos sitios web tienen información que puede querer leer programáticamente
- En algunos casos, esto va en contra de los términos de servicio del sitio web.
- Intentar leer demasiadas páginas demasiado rápido puede bloquear su dirección IP

ejemplo



http://scholar.google.com/citations?user=HI-I6C0AAAAJ&hl=en

```
con = url("http://scholar.google.com/citations?user=HI-I6C0AAAAJ&hl=en")
htmlCode = readLines(con)
close(con)
```

obteniendo informacion con paquete httr

```
library(httr)
library(XML)
url <- "http://scholar.google.com/citations?user=HI-I6C0AAAAJ&hl=en"
html2 = GET(url)
content2 = content(html2,as="text")
parsedHtml = htmlParse(content2,asText=TRUE)
xpathSApply(parsedHtml, "//title", xmlValue)
```

```
## [1] "Jeff Leek - Google Scholar"
```

accesando a sitios web con contraseña

```
pg1 = GET("http://httpbin.org/basic-auth/user/passwd")
pg1
```

```
## Response [http://httpbin.org/basic-auth/user/passwd]
##   Date: 2021-08-26 03:53
##   Status: 401
##   Content-Type: <unknown>
## <EMPTY BODY>
```

```
pg2 = GET("http://httpbin.org/basic-auth/user/passwd",
    authenticate("user","passwd"))
pg2
```

```
## Response [http://httpbin.org/basic-auth/user/passwd]
##   Date: 2021-08-26 03:53
##   Status: 200
##   Content-Type: application/json
##   Size: 47 B
## {
##   "authenticated": true,
##   "user": "user"
## }
```

```
names(pg2)
```

```
##  [1] "url"         "status_code" "headers"     "all_headers" "cookies"
##  [6] "content"     "date"        "times"       "request"     "handle"
```

usando handle

```
google = handle("http://google.com")
pg1 = GET(handle=google,path="/")
pg2 = GET(handle=google,path="search")

pg1
```

```
## Response [http://www.google.com/]
##   Date: 2021-08-26 03:53
##   Status: 200
```

```
##   Content-Type: text/html; charset=ISO-8859-1
##   Size: 14.2 kB
## <!doctype html><html itemscope="" itemtype="http://schema.org/WebPage" lang="...
## var f=this||self;var h,k=[];function l(a){for(var b;a&&(!a.getAttribute||!(b=...
## function n(a,b,c,d,g){var e="";c||-1!==b.search("&ei=")||(e="&ei="+l(d),-1===...
## google.y={};google.sy=[];google.x=function(a,b){if(a)var c=a.id;else{do c=Mat...
## document.documentElement.addEventListener("submit",function(b){var a;if(a=b.t...
## </style><style>body,td,a,p,.h{font-family:arial,sans-serif}body{margin:0;over...
## if (!iesg){document.f&&document.f.q.focus();document.gbqf&&document.gbqf.q.fo...
## }
## })();</script><div id="mngb"><div id=gbar><nobr><b class=gb1>Búsqueda</b> <a ...
## else top.location='/doodles/';};})();</script><input value="AINFCbYAAAAAYSceS...
## ...
```

```
pg2
```

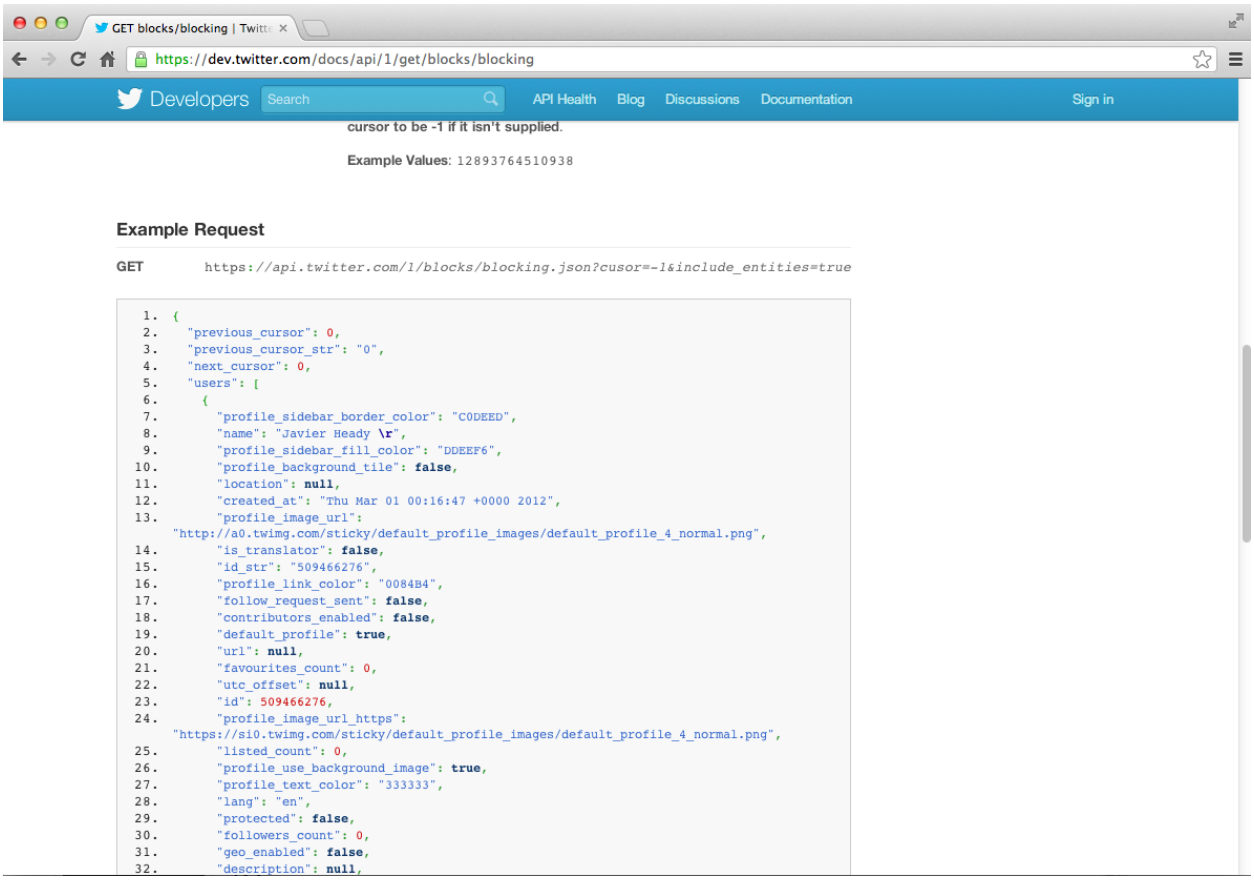
```
## Response [http://www.google.com/webhp]
##   Date: 2021-08-26 03:53
##   Status: 200
##   Content-Type: text/html; charset=ISO-8859-1
##   Size: 14.2 kB
## <!doctype html><html itemscope="" itemtype="http://schema.org/WebPage" lang="...
## var f=this||self;var h,k=[];function l(a){for(var b;a&&(!a.getAttribute||!(b=...
## function n(a,b,c,d,g){var e="";c||-1!==b.search("&ei=")||(e="&ei="+l(d),-1===...
## google.y={};google.sy=[];google.x=function(a,b){if(a)var c=a.id;else{do c=Mat...
## document.documentElement.addEventListener("submit",function(b){var a;if(a=b.t...
## </style><style>body,td,a,p,.h{font-family:arial,sans-serif}body{margin:0;over...
## if (!iesg){document.f&&document.f.q.focus();document.gbqf&&document.gbqf.q.fo...
## }
## })();</script><div id="mngb"><div id=gbar><nobr><b class=gb1>Búsqueda</b> <a ...
## else top.location='/doodles/';};})();</script><input value="AINFCbYAAAAAYSceS...
## ...
```

### Notas y otros recursos

- R Bloggers tiene varios ejemplos de raspado web http://www.r-bloggers.com/?s=Web+Scraping
- El archivo de ayuda httr tiene ejemplos útiles http://cran.r-project.org/web/packages/httr/httr.pdf
- Ver conferencias posteriores sobre API
- http://cran.r-project.org/web/packages/httr/httr.pdf
- http://en.wikipedia.org/wiki/Web_scraping

## Leyendo de APIs

Application programming interfaces(Interfaces de programación de aplicaciones)




crear una cuenta para ingresar a la API

https://dev.twitter.com/apps

luego crear una “app” y buscar los pasos para acceder a la api, el ejemplo siguiente es de una cuenta ya creada para fines academicos

```
myapp = oauth_app("twitter",
                  key="yourConsumerKeyHere",secret="yourConsumerSecretHere")
sig = sign_oauth1.0(myapp,
                    token = "yourTokenHere",
                     token_secret = "yourTokenSecretHere")
homeTL = GET("https://api.twitter.com/1.1/statuses/home_timeline.json", sig)
```

convertir a JSON el objeto

```
json1 = content(homeTL)
json2 = jsonlite::fromJSON(toJSON(json1))
json2[1,1:4]
```

```
                    created_at          id            id_str
1 Mon Jan 13 05:18:04 +0000 2014 4.225984e+17 422598398940684288

1 Now that P. Norvig's regex golf IPython notebook hit Slashdot, let's see if our traffic spike tops the prev
```

En general, mira la documentación.

- httr permite solicitudes `GET`,`POST`, `PUT`,`DELETE` si está autorizado
- Puede autenticarse con un nombre de usuario o una contraseña
- La mayoría de las API modernas usan algo como oauth
- httr funciona bien con Facebook, Google, Twitter, Github, etc.

# Reading from other sources

Hay un paquete para eso

- Roger tiene un buen video sobre cómo hay paquetes R para la mayoría de las cosas a las que querrá acceder.
- Aquí voy a revisar brevemente algunos paquetes útiles
- En general, la mejor forma de averiguar si el paquete R existe es el "paquete R del mecanismo de almacenamiento de datos" de Google
  - Por ejemplo: "Paquete MySQL R"

*Interactuar más directamente con archivos*

- file: abre una conexión a un archivo de texto
- url: abre una conexión a una URL
- gzfile: abre una conexión a un archivo .gz
- bzfile: abre una conexión a un archivo .bz2
- *?connections* para más información
- Recuerde cerrar conexiones

## paquete foreing

- Carga datos de Minitab, S, SAS, SPSS, Stata, Systat
- Funciones básicas *read.foo*
  - read.arff (Weka)
  - read.dta (Stata)
  - read.mtp (Minitab)
  - read.octave (octava)
  - read.spss (SPSS)
  - read.xport (SAS)
- Consulte la página de ayuda para obtener más detalles.

http://cran.r-project.org/web/packages/foreign/foreign.pdf

### Ejemplos de otros paquetes de bases de datos

- RPostresSQL proporciona una conexión de base de datos compatible con DBI desde R. Tutorial- https://code.google.com/p/rpostgresql/, archivo de ayuda- http://cran.r-project.org/web/packages/RPostgreSQL/RPostgreSQL.pdf
- RODBC proporciona interfaces para múltiples bases de datos, incluidas PostgreQL, MySQL, Microsoft Access y SQLite. Tutorial - http://cran.r-project.org/web/packages/RODBC/vignettes/RODBC.pdf, archivo de ayuda - http://cran.r-project.org/web/packages/RODBC/RODBC.pdf
- RMongo http://cran.r-project.org/web/packages/RMongo/RMongo.pdf (ejemplo de Rmongo http://www.r-bloggers.com/r-and-mongodb/) y rmongodb proporcionan interfaces a MongoDb.

### Leer imágenes

- jpeg - http://cran.r-project.org/web/packages/jpeg/index.html
- readbitmap - http://cran.r-project.org/web/packages/readbitmap/index.html
- png - http://cran.r-project.org/web/packages/png/index.html
- EBImage (Bioconductor) - http://www.bioconductor.org/packages/2.13/bioc/html/EBImage.html

### Lectura de datos GIS

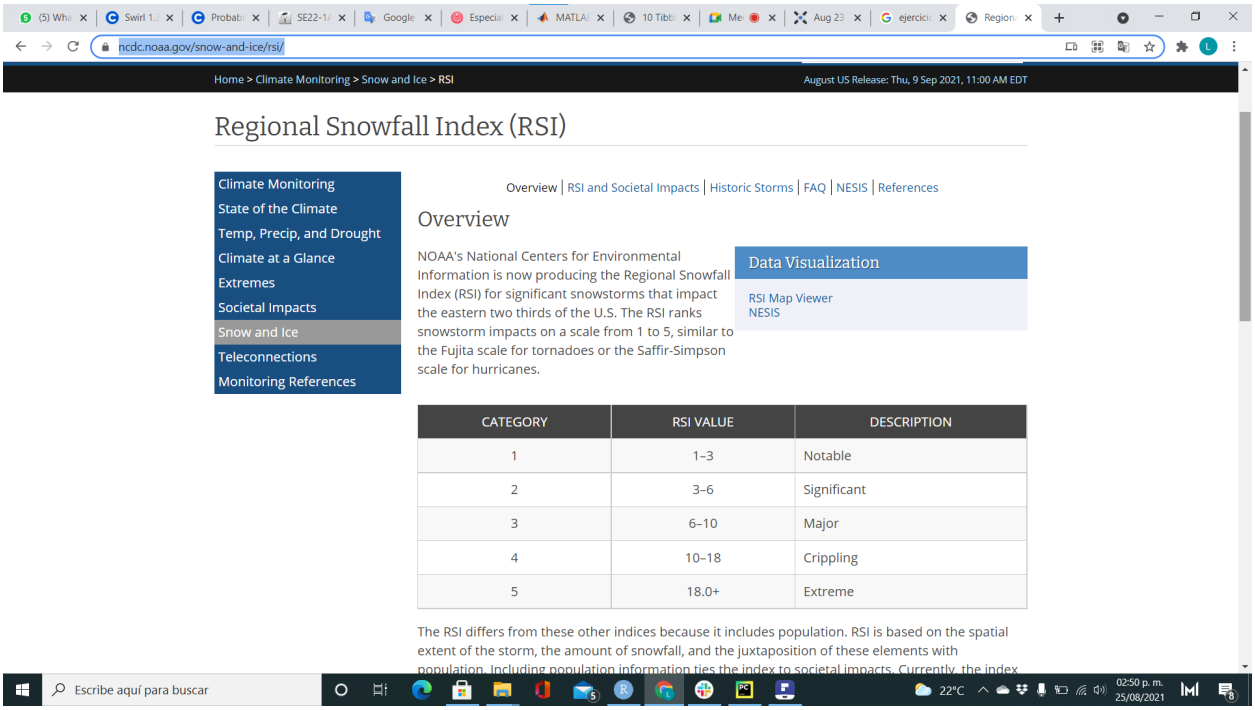
- rgdal - http://cran.r-project.org/web/packages/rgdal/index.html
- rgeos - http://cran.r-project.org/web/packages/rgeos/index.html
- raster - http://cran.r-project.org/web/packages/raster/index.html

### Leer datos musicales

- tuneR - http://cran.r-project.org/web/packages/tuneR/
- seewave - http://rug.mnhn.fr/seewave/

## leer tablas de web

En la pagina https://www.ncdc.noaa.gov/snow-and-ice/rsi/ se puede encontrar la siguiente imagen



y la tabla se obtiene de la siguiente forma

```
rio::import("https://www.ncdc.noaa.gov/snow-and-ice/rsi/",format="html")
```

```
##   Category RSI Value Description
## 1        1       1-3     Notable
## 2        2       3-6 Significant
## 3        3      6-10       Major
## 4        4     10-18   Crippling
## 5        5     18.0+     Extreme
```