

# Análisis de datos Ómicos (M0-157)

Segunda prueba de evaluación continua

María Plaza García

27 de Mai, 2020

## Índice

1. 1. Abstract, con un resumen breve de no más de cinco líneas.	2
2. 2. Objetivos: Que se pretende con este estudio	2
3. 3. Materiales y Métodos	2
3.1. 1. Naturaleza de los datos, tipo de experimento, diseño experimental . . . . .	2
3.2. 2. Métodos y herramientas que habéis utilizado en el análisis: . . . . .	2
4. 4. Resultados	2
4.1. 1. Que se obtiene como resultado del análisis . . . . .	2
5. 5. Discusión	2
5.1. 1. Que limitaciones consideramos que pueden haber en el estudio (si consideramos que hay alguna...)	2
6. 7. Apéndice: Podéis poner el código de R que hayáis utilizado en un apéndice con comentarios.	2
7. Bibliografía	2

```
libraries <- c("htmltools", "bookdown", "bibtex", "knitr", "dplyr", "printr", "Biobase",
              "methods", "affy", "GEOquery", "simpleaffy", "arrayQualityMetrics",
              "biocLite", "pvca", "genefilter", "gcrma", "plier", "mas5")
check.libraries <- is.element(libraries, installed.packages()[, 1]) == FALSE
libraries.to.install <- libraries[check.libraries]
if (length(libraries.to.install) != 0) {
  install.packages(libraries.to.install)
}

success <- sapply(libraries, require, quietly = FALSE, character.only = TRUE)
if (length(success) != length(libraries)) {stop("A package failed to return
a success in require() function.")}
```

Repositorio Github:

[https://github.com/mariaplaza/PEC2\\_Omicos](https://github.com/mariaplaza/PEC2_Omicos)

## 1. 1. Abstract, con un resumen breve de no más de cinco líneas.

A[ERGHNA[ERGNAE[RGJADE[GJA]GKJPDEOGJDUJGDUYFGUFE

## 2. 2. Objetivos: Que se pretende con este estudio

ARGAERGERGTTHTHRFE

## 3. 3. Materiales y Métodos

### 3.1. 1. Naturaleza de los datos, tipo de experimento, diseño experimental

thrfhrthrtrthrtrthrthrthrth

### 3.2. 2. Métodos y herramientas que habéis utilizado en el análisis:

#### 3.2.1. 1. Procedimiento general de análisis (pasos, “workflow” o “pipeline” que habéis seguido)

fghrhrthrtrhhth

#### 3.2.2. 2. Software que habéis utilizado

rthrtrtrt

#### 3.2.3. 3. Que habéis hecho en cada paso (NO ES PRECISO entrar en el detalle de los métodos, más bien hacer una descripción cualitativa indicando porque se ha llevado a cabo cada paso, y cual ha sido el “input” suministrado al procedimiento y el “output” obtenido.

tyjtjtyjrfedtrj6r8oumr5u

## 4. 4. Resultados

### 4.1. 1. Que se obtiene como resultado del análisis

## 5. 5. Discusión

### 5.1. 1. Que limitaciones consideramos que pueden haber en el estudio (si consideramos que hay alguna...)

#6. Conclusión: NO HACE FALTA. Vuestro “rol” aquí es técnico. Como bioinformáticos se os presupondrá la capacidad de manejar la información biológica mediante los programas adecuados, pero ello no implica que debáis tener los conocimientos específicos que puede requerir la interpretación biológica de los resultados.

## 6. 7. Apéndice: Podéis poner el código de R que hayáis utilizado en un apéndice con comentarios.

### Datos

Para facilitar la reproducibilidad del informe, se han incluido varios parámetros en el encabezado YAML del documento cuyos valores se pueden establecer cuando se procesa el informe. Se ha incluido tanto la carpeta donde se encuentran los datos como los nombres de los archivos y la ruta de acceso, de esta forma podemos leer los datos con el siguiente código:

## 7. Bibliografía