## Bioconductor

## Santiago Orozco

2025-01-29

Fundado por Robert Gentleman

Documentación del paquete

• Vignette: explica cómo las herramientas del paquete estás organizadas

Los paquetes son evaluados diariamente en OSs diferentes. Si un paquete no pasa la evaluación, se le manda un correo al autor del paquete.

\*\* Los paquetes en CRAM solo son evaluados en el momento de publicarse el paquete

Junta de Comunidad, Científica y Técnica. Para que ayuda a promover la unión a la comunidad

Bioconductor

- Software
- AnnotationData: permiten accesar a db sin la necesidad de descargar la db. Los crea el equipo de Bioconductor en general \*\*Aaron Lun
- Experiment Data: son los datos de proyectos para poder reanalizar los datos de una forma más sencilla \*\* Alejandro Reyes, genómico de la 5° generación \*\* Robert Gentleman, funfador de Bioconductor
- Workflow: es

Rank: basado en el número de descargas. Mientras más bajo el número más descargado es.

Descargar paquetes de Bioconductor:

```
BiocManager::install("nombre_paquete")

## Bioconductor version 3.20 (BiocManager 1.30.25), R 4.4.1 (2024-06-14 ucrt)

## Installing package(s) 'nombre_paquete'

## Warning: package 'nombre_paquete' is not available for Bioconductor version '3.20'

##

## A version of this package for your version of R might be available elsewhere,

## see the ideas at

## https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-patched/R-admin.html#Installing-packages

## Installation paths not writeable, unable to update packages

## path: C:/Program Files/R/R-4.4.1/library

## packages:

## boot, class, cluster, foreign, KernSmooth, MASS, Matrix, nlme, nnet, rpart,

## spatial, survival
```

```
## Old packages: 'digest', 'glue', 'jsonlite', 'pbdZMQ', 'quantreg', 'rlang'
```

BiocManager::version()

## [1] '3.20'

Para tener diferentes versiones de BioConductor, se recomienda tener diferentes versiones de R.

Para ver en dónde hay paquetes instalados usar .libPaths(). Hay un orden de prioridad en la instalación de paquete, el primero en la lista es el que se va a descargar

## Página de un paquete de Bioconductor

Suport: preguntas en los últimos 6 meses Documentación: - Vignette - Refference Manual, lo crea bioconductor de forma automática BioC pide que haya tantos ejemplos reproducibles - NEWs, info de cómo ha cambiado el paquete

Detalles: - URL: para encontrar más información (GitHub, sitio web) - Bug Report: dónde reportar errores release: Consumo público. Números pares (3.20) devel: Versión de prueba, o los más recientes aprovado. Nones (3.21)

R se actualiza una vez al año (abril). Antes dos veces al año. BioC se actualiza 2 veces al año (abril y ocutubre)

Apartado de 'Learn' Eventos

Eventos de CDSB

\*\* Mara Averick, difundadora de paquetes de BioC

Multi-omic Pathway Analysis of Cancer

scDotPlot Paquete gráfico

\*\* Marcel Ramos,

TCGA (The Cancer Genome Atlas)

CleanUpRNAseq. Medio imcompleto,

Dependencias,