



EJERCICIO TEMA 3. 1

Alumno:

Realiza las distintas actividades de abajo copiando debajo de cada actividad los comandos que hay que escribir en R. Finalmente, convierte este documento a PDF y entrégalo a través del moodle.

1.- Imprime en la pantalla el mensaje “Estoy programando en R”.

2.- Crea tres vectores, uno de texto con los nombres de los genes (“TP53”, “BRCA1”, “ZMPSTE24”, “VHL”), otro con el tamaño del CDS del transcrito en pares de bases (1179, 5589, 1425, 639) y finalmente otro con los valores lógicos correspondientes a si el gen está en hebra forward (FALSE, FALSE, TRUE, TRUE).

3.- Imprime en la pantalla el nombre, el tamaño y la orientación del gen ZMPSTE24 utilizando el índice numérico en cada vector.

4.- Utiliza el primer vector para darle nombre a cada posición de los otros dos vectores. Imprime en pantalla el tamaño y la orientación del gen BRCA1 utilizando el nombre asignado a cada posición.

5.- Ordena el vector de tamaños de mayor a menor.

6.-Explica cual es la diferencia entre la función order() y la función sort()

7.- Genera un nuevo vector lógico sobre el vector de tamaños aplicando la condición de que los genes tengan un número de nucleótidos en el CDS mayor de 1200 pb.

8.- Imprime solo el nombre de los genes que estén en la hebra reverse filtrando el vector de nombres con el vector de valores lógicos.

9.- Genera un nuevo vector con el tamaño en aminoácidos de cada gen.

10.- Crea una matriz de datos con el nombre de los genes como nombre de filas y dos columnas. La primera la longitud del CDS en pares de bases y una segunda columna con el tamaño de aminoácidos .

Bioinformática y análisis de datos ómicos

© Ignacio Varela Egocheaga

Este material se publica bajo licencia Creative Commons CC BY-NC-SA 4.0



11.- Filtra los valores de la matriz por aquellos genes que están en la hebra forward utilizando el vector de valores lógico.

12.- Genera una nueva columna con los tamaños globales de los genes que son (25759,125950, 56139,11889)

13.- Imprime en pantalla el valor de la longitud del CDS y del tamaño global del gen de los genes BRCA1 y VHL.

14.- Imprime en pantalla las filas de los genes que tienen un tamaño global mayor de 26000 pb.

15.- Crea un cuadro de datos (data frame) usando los nombres de los genes como nombres de las filas y los distintos vectores (tamaño del CDS, tamaño de aminoácidos, tamaño global y la hebra) como distintas columnas.

16.- Imprime en pantalla el valor del tamaño del CDS y el tamaño global de los genes TP53 y ZMPSTE24

16.- Genera una nueva columna denominada Secuencia no codificante restando el tamaño global de cada gen del tamaño del CDS.

17.- Ordena el cuadro de datos de manera decreciente de acuerdo al tamaño de la secuencia no codificante.

18.- Imprime el cuadro de datos en un archivo de texto.

19.- Lee el archivo de texto que has escrito y conviértelo de nuevo en un cuadro de datos con otro nombre.