

2025
CURSO DE
ESTADÍSTICA
ENZOEM

UNIDAD DE INVESTIGACIÓN COMPETITIVA DE ZOOINOSIS Y ENFERMEDADES EMERGENTES



CAMPUS DE
RABANALES

6, 8
MAYO

11, 13, 16
JUNIO

2, 4
SEPTIEMBRE

WWW.CURSOENZOEM.ESMEETINGEVENTOS.ES

José Antonio Blanco-Aguilar (IREC-JCCM,CSIC,UCLM)

Javier Fernández-López (IREC-JCCM,CSIC,UCLM)

Comisión de Formación y Comisión Científica
Unidad de Investigación Competitiva ENZOEM
Universidad de Córdoba



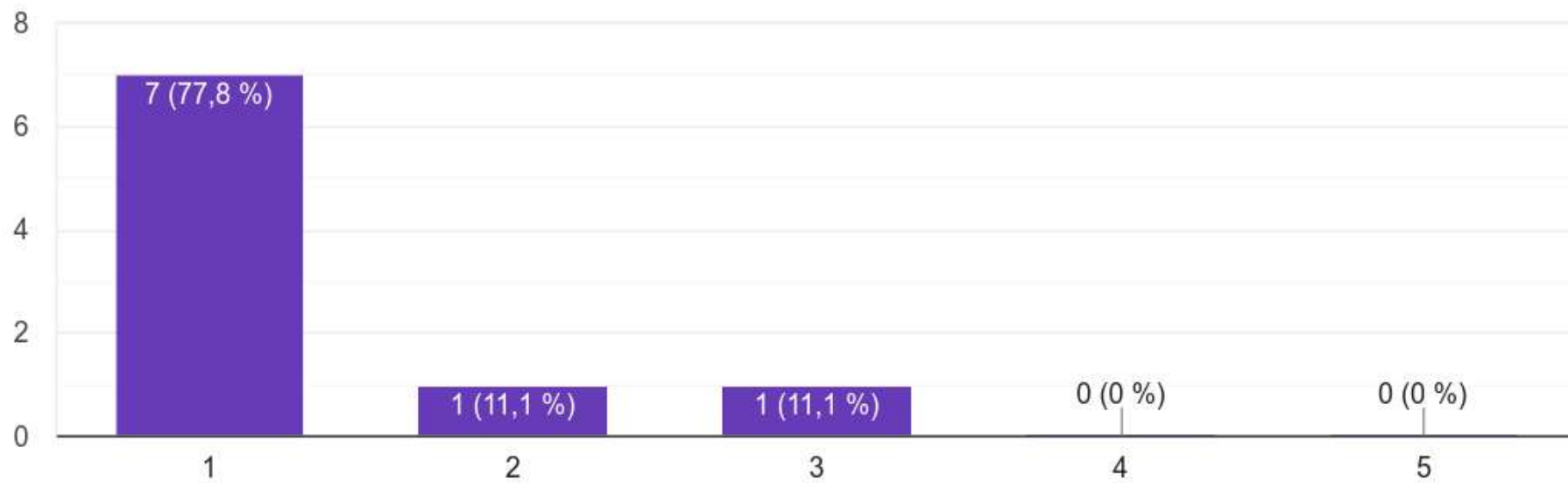
UNIVERSIDAD
DE
CÓRDOBA

Módulo 1. Introducción a R y estadística básica

Sobre vosotr@s...

¿Haces uso del lenguaje R?

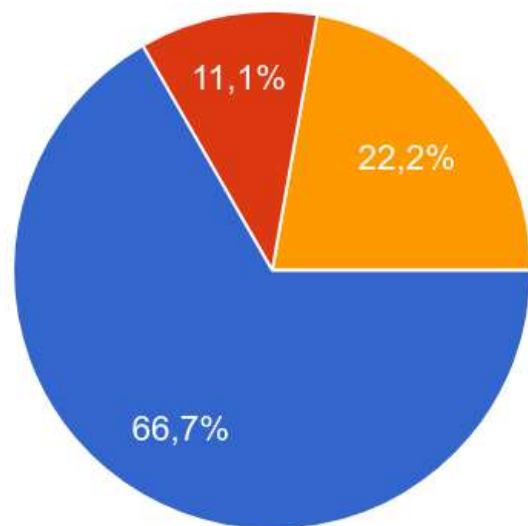
9 respuestas



Sobre vosotr@s...

¿Qué otros softwares estadísticos has utilizado?

9 respuestas

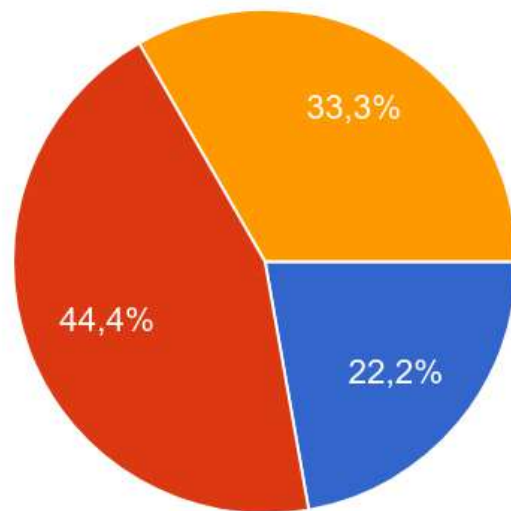


- SPSS
- STATISTICA
- GraphPad
- STATGRAPHICS

Sobre vosotr@s...

¿Qué tipo de test estadísticos sueles utilizar en tu trabajo?

9 respuestas

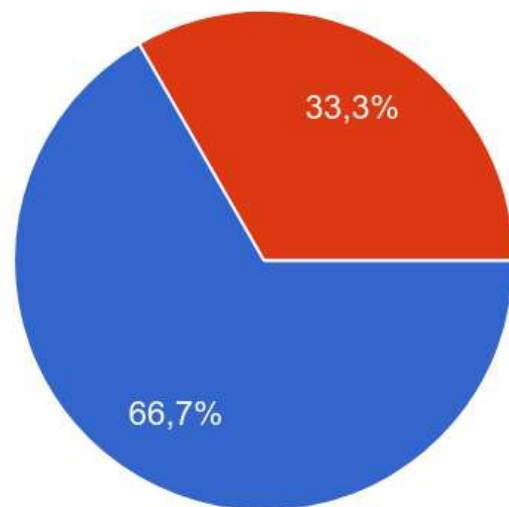


- Test paramétricos de comparación de medias (ANOVAS, T-test, etc.)
- Test no paramétricos (U de Mann-Whitney, correlación de Spearman, etc.)
- Modelos lineales (GLM, GLMM, etc.)

Sobre vosotr@s...

¿Qué tipo de investigación sueles desarrollar habitualmente?

9 respuestas



- Investigación en condiciones controladas o semicontroladas (laboratorios o similar)
- Investigaciones basadas en datos observacionales tomados en el campo

¿Qué se espera del curso?

- Imposible en 8 horas (aprendizaje por *sedimentación*)
- Conocer el mecanismo básico y los fundamentos
- Tener documentación y materiales
- “Hacerlo nuestro” cuanto antes

Módulo 1. Introducción a R y estadística básica

- 1.El lenguaje R y el entorno R-Studio: funciones y objetos
- 2.Flujo de trabajo en R: directorio de trabajo, lectura y escritura de datos
- 3.Visualización de datos en R
- 4.Distribuciones de probabilidad y estadística básica

Web dedicada: https://jabiologo.github.io/web/tutorials/enzoem_1_1.html

Web dedicada: https://jabiologo.github.io/web/tutorials/enzoem_1_1.html

Presentación

1. El lenguaje R y el entorno R-Studio: funciones y objetos

2. Flujo de trabajo en R: directorio de trabajo, lectura y escritura de datos

3. Visualización de datos en R y ggplot2

4. Distribuciones de probabilidad y estadística básica

ejemplo, el paquete `lme4` se utiliza frecuentemente para ajustar modelos generales lineales mixtos. Podemos descargarlo, instalarlo y cargarlo en nuestra sesión de R de la siguiente manera:

```
# Descargamos e instalamos el paquete
install.packages("lme4")
# Cargamos el paquete en nuestra sesión
library(lme4)
```

Una de las grandes ventajas (o inconvenientes?) de R es que es un software libre, por lo que cualquiera puede desarrollar sus propios paquetes con las herramientas (funciones) que necesite y ponerlo a disposición de la comunidad de usuarios. Si tenéis curiosidad, [aquí](#) podéis encontrar un pequeño tutorial sobre como hacerlo.

Los objetos

Los **objetos** en R son los contenedores donde almacenamos los resultados (outputs) de las funciones. Podemos identificarlos porque suelen aparecer por primera vez precediendo a los caracteres `<-`, que simbolizan una flecha que señala hacia la izquierda. Cada vez que se quiera crear un objeto se le ha de dar un nombre, el que queramos, aunque suele ser conveniente darle un nombre que tenga sentido. Por ejemplo, vamos a almacenar en un objeto que vamos a llamar "numeros" la concatenación de valores que creamos anteriormente:

```
# Almacenamos en un objeto llamado "numeros" el resultado de concatenar 3, 7, 12 y 4
numeros <- c(3, 7, 12, 4)

# Ahora podemos "llamar" a "numeros" para ver qué tiene dentro
numeros
```

```
## [1] 3 7 12 4
```


¿Por qué R?

- R es una herramienta libre y gratuita para todos los sistemas operativos.
- R no es solamente un software para análisis estadístico.
- Es muy probable que tarde o temprano tengáis que utilizar esta herramienta.



```
javi@javi@NL40-S0CU: ~  
javi@javi@NL40-S0CU: ~$ R  
R version 4.4.1 (2024-06-14) -- "Race for Your Life"  
Copyright (C) 2024 The R Foundation for Statistical Computing  
Platform: x86_64-pc-linux-gnu  
  
R es un software libre y viene sin GARANTIA ALGUNA.  
Usted puede redistribuirlo bajo ciertas circunstancias.  
Escriba 'license()' o 'licence()' para detalles de distribución.  
  
R es un proyecto colaborativo con muchos contribuyentes.  
Escriba 'contributors()' para obtener más información y  
'citation()' para saber cómo citar R o paquetes de R en publicaciones.  
  
Escriba 'demo()' para demostraciones, 'help()' para el sistema on-line de ayuda,  
o 'help.start()' para abrir el sistema de ayuda HTML con su navegador.  
Escriba 'q()' para salir de R.  
  
[El espacio de trabajo previamente guardado ha sido restaurado]  
> 
```

Diferencia entre R y RStudio

- R ~ “motor”
- RStudio ~ chasis/carcasa



The image shows the RStudio IDE interface with four panels highlighted by red boxes and labeled with large red text:

- SCRIPT**: The top-left panel, labeled "SCRIPT", shows a script editor with the text:


```
1 # Este es un nuevo script!
```
- ENTORNO**: The top-right panel, labeled "ENTORNO", shows the Environment pane with the text:

Environment is empty
- CONSOLA**: The bottom-left panel, labeled "CONSOLA", shows the Console pane with the text:


```
R 4.4.1 - ~/
```

R version 4.4.1 (2024-06-14) -- "Race for Your Life"
 Copyright (C) 2024 The R Foundation for Statistical Computing
 Platform: x86_64-pc-linux-gnu

R es un software libre y viene sin GARANTIA ALGUNA.
 Usted puede redistribuirlo bajo ciertas circunstancias.
 Escriba 'license()' o 'licence()' para detalles de distribucion.

R es un proyecto colaborativo con muchos contribuyentes.
 Escriba 'contributors()' para obtener más información y
 'citation()' para saber cómo citar R o paquetes de R en publicaciones.

Escriba 'demo()' para demostraciones, 'help()' para el sistema on-line de ayuda,
 o 'help.start()' para abrir el sistema de ayuda HTML con su navegador.
 Escriba 'q()' para salir de R.
- PLOTS/AYUDA...**: The bottom-right panel, labeled "PLOTS/AYUDA...", shows the Plots pane with the text:

Files Plots Packages Help Viewer Presentation

Web dedicada: https://jabiologo.github.io/web/tutorials/enzoem_1_1.html

Presentación

1. El lenguaje R y el entorno R-Studio: funciones y objetos

2. Flujo de trabajo en R: directorio de trabajo, lectura y escritura de datos

3. Visualización de datos en R y ggplot2

4. Distribuciones de probabilidad y estadística básica

ejemplo, el paquete `lme4` se utiliza frecuentemente para ajustar modelos generales lineales mixtos. Podemos descargarlo, instalarlo y cargarlo en nuestra sesión de R de la siguiente manera:

```
# Descargamos e instalamos el paquete
install.packages("lme4")
# Cargamos el paquete en nuestra sesión
library(lme4)
```

Una de las grandes ventajas (o inconvenientes?) de R es que es un software libre, por lo que cualquiera puede desarrollar sus propios paquetes con las herramientas (funciones) que necesite y ponerlo a disposición de la comunidad de usuarios. Si tenéis curiosidad, [aquí](#) podéis encontrar un pequeño tutorial sobre como hacerlo.

Los objetos

Los **objetos** en R son los contenedores donde almacenamos los resultados (outputs) de las funciones. Podemos identificarlos porque suelen aparecer por primera vez precediendo a los caracteres `<-`, que simbolizan una flecha que señala hacia la izquierda. Cada vez que se quiera crear un objeto se le ha de dar un nombre, el que queramos, aunque suele ser conveniente darle un nombre que tenga sentido. Por ejemplo, vamos a almacenar en un objeto que vamos a llamar "numeros" la concatenación de valores que creamos anteriormente:

```
# Almacenamos en un objeto llamado "numeros" el resultado de concatenar 3, 7, 12 y 4
numeros <- c(3, 7, 12, 4)

# Ahora podemos "llamar" a "numeros" para ver qué tiene dentro
numeros
```

```
## [1] 3 7 12 4
```

Prácticas 1.1 y 1.2: Flujo de trabajo en R y RStudio

Prácticas 1.1 y 1.2: Flujo de trabajo en R y RStudio



Prácticas 1.1 y 1.2: Flujo de trabajo en R y RStudio

Ziemann *et al. Genome Biology* (2016) 17:177
DOI 10.1186/s13059-016-1044-7

Genome Biology

COMMENT

Open Access



Gene name errors are widespread in the scientific literature

Mark Ziemann¹, Yotam Eren^{1,2} and Assam El-Osta^{1,3*}

Abstract

The spreadsheet software Microsoft Excel, when used with default settings, is known to convert gene names to dates and floating-point numbers. A programmatic scan of leading genomics journals reveals that approximately one-fifth of papers with supplementary Excel gene lists contain erroneous gene name conversions.

Keywords: Microsoft Excel, Gene symbol, Supplementary data

Abbreviations: GEO, Gene Expression Omnibus; JIF, journal impact factor

frequently reused. Our aim here is to raise awareness of the problem.

We downloaded and screened supplementary files from 18 journals published between 2005 and 2015 using a suite of shell scripts. Excel files (.xls and .xlsx suffixes) were converted to tabular separated files (tsv) with *ssconvert* (v1.12.9). Each sheet within the Excel file was converted to a separate tsv file. Each column of data in the tsv file was screened for the presence of gene symbols. If the first 20 rows of a column contained five or more gene symbols, then it was suspected to be a list of gene symbols, and then a regular expression (regex) search of the entire column was applied to identify gene symbol errors. Official gene symbols from Ensembl version 82, accessed November 2015, were obtained for