

# Ciclo de clases en bioinformática: Principios de R

Leonardo Collado Torres

`lcollado@ibt.unam.mx`

Licenciado en Ciencias Genómicas

`www.lcg.unam.mx/~lcollado/`

Instituto de Biotecnología (IBT) de la UNAM y Winter Genomics (WG)

Octubre - Noviembre, 2009

# Graficas avanzadas con R. . . soluciones :)

## 1 Solución Ejercicios

## Ejercicios

- 1 Usando el objeto `t2`, hagan una gráfica de densidad de la variable `position` para cada cromosoma.
- 2 Usando los datos de los cromosomas `X` y `Y`<sup>1</sup> del objeto `t2`, hagan una gráfica de densidad para la variable `position` donde agrupen los datos por el variable `reference.allele`. Además, para cada cromosoma separen los datos por la variable `AK1.allele`. Van a tener que checar bien la ayuda de `densityplot`<sup>2</sup>. Su gráfica al final debe tener 8 paneles.
- 3 Usando el objeto `t2` hagan una gráfica donde veamos la media de la variable `position` y su error estándar por cromosoma. En total van a ser 24 puntos con sus barras de error. Les mostré un ejemplo muy similar en la clase con el objeto `t1`.

---

<sup>1</sup>El argumento `subset` va a ser útil para esto.

<sup>2</sup>La clave está en la sintaxis de fórmula.

# Imagen I

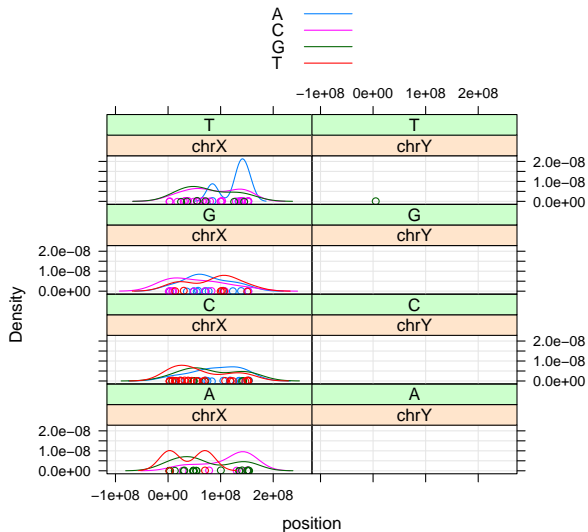
```
> library(lattice)
> t2 <- read.csv("http://www.lcg.unam.mx/~lcollado/B/
+   header = T)
> print(densityplot(~position | chr,
+   data = t2))
```



## Imagen II

```
> sub <- subset(t2, chr == "chrY" |  
+   chr == "chrX")  
> print(densityplot(~position | chr +  
+   reference.allele, group = AK1.allele,  
+   data = sub, auto.key = T, type = c("p",  
+   "g")))
```

## Imagen II

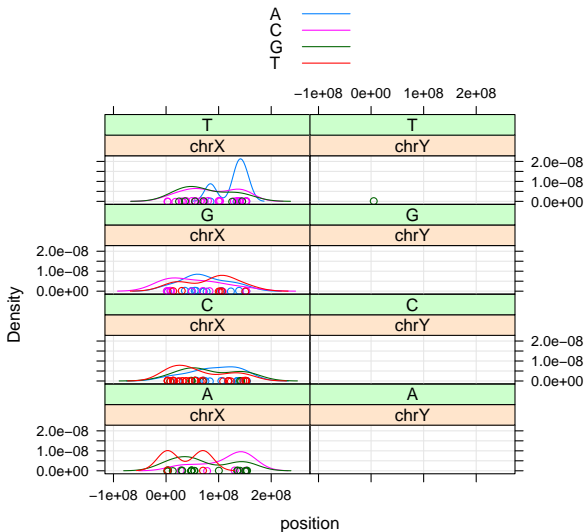


## Imagen II alternativamente

```
> cuales <- t2$chr %in% c("chrX",  
+   "chrY")  
> print(densityplot(~position | chr +  
+   reference.allele, group = AK1.allele,  
+   data = t2, subset = cuales,  
+   auto.key = T, type = c("p",  
+   "g")))
```



## Imagen II alternativamente

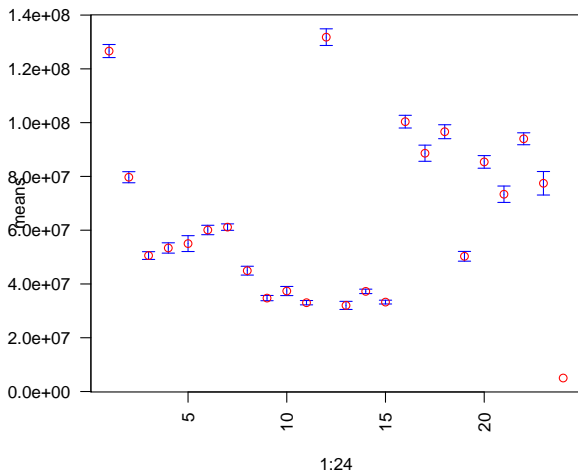


## Imagen III

```
> library(plotrix)
> means <- tapply(t2$position, t2$chr,
+   mean)
> err <- tapply(t2$position, t2$chr,
+   std.error)
> plotCI(1:24, means, err, col = "red",
+   scol = "blue", las = 2, main = "Posición por cr
```

# Imagen III

### Posición por cromosoma



## Información de mi sesión:

```
> sessionInfo()
```

```
R version 2.10.0 (2009-10-26)
```

```
i386-pc-mingw32
```

```
locale:
```

```
[1] LC_COLLATE=English_United States.1252
```

```
[2] LC_CTYPE=English_United States.1252
```

```
[3] LC_MONETARY=English_United States.1252
```

```
[4] LC_NUMERIC=C
```

```
[5] LC_TIME=English_United States.1252
```

```
attached base packages:
```

```
[1] stats      graphics  grDevices
```

```
[4] utils      datasets  methods
```

```
[7] base
```

```
other attached packages:
```

```
[1] plotrix_2.7-2  lattice_0.17-26
```

```
loaded via a namespace (and not attached):
```

```
[1] grid_2.10.0
```