



Creando una nueva ola de desarrolladores de software libre en México y Latino América con la comunidad CDSB

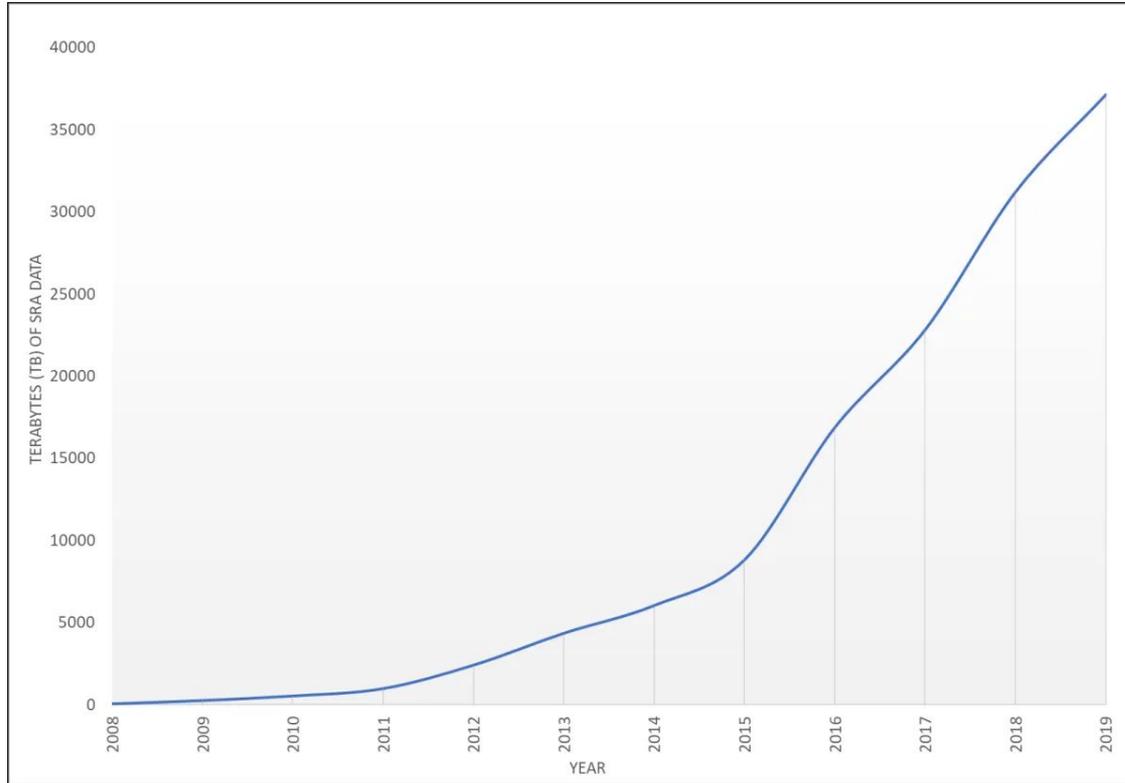
@CDSBMexico

@areyesq @josschavezf1 @BarjonCar

@lcolladotor



Datos masivos en la investigación biológica



¿Qué es Bioconductor?

- Software estadístico para el análisis de experimentos biológicos.
- Open-source, open-development, y muy usado:
 - > 1,100 paquetes (librerías)
 - > 14,000 citas
 - > 250,000 IPs
- Basado en R.
- Establecido en 2002.



About Bioconductor

Bioconductor provides tools for the analysis and comprehension of high-throughput genomic data. Bioconductor uses the R statistical programming language, and is open source and open development. It has two releases each year, and an active user community. Bioconductor is also available as an [AMI](#) (Amazon Machine Image) and [Docker](#) images.

News

- [Bioconductor 3.12](#) release schedule is announced.
- [BIOCAsia](#) virtual conference registration is open (free registration!). October 15-18, 2020.
- [BIOSEurope](#) virtual conference registration and abstract submission open December 14-18, 2020.
- See our [9999in:calendar](#) for events, conferences, meetings, forums, etc. Add your event with email to events at bioconductor.org.
- Core team [job opportunities](#) available, contact [Martin.Morgan](#) at RoswellPark.org
- [Bioconductor F1000 Research Channel](#) is available.
- Orchestrating single-cell analysis with [Bioconductor \(abstract: website\)](#) and other [recent literature](#).

Install >

- Discover [1903 software packages](#) available in [Bioconductor release 3.11](#).
- Get started with [Bioconductor](#)
- [Install Bioconductor](#)
 - [Get support](#)
 - [Latest newsletter](#)
 - [Follow us on twitter](#)
 - [Install R](#)

Learn >

- Master [Bioconductor](#) tools
- [Courses](#)
 - [Support site](#)
 - [Package vignettes](#)
 - [Literature citations](#)
 - [Common work flows](#)
 - [FAQ](#)
 - [Community resources](#)
 - [Videos](#)

Use >

- Create bioinformatic solutions with [Bioconductor](#)
- [Software](#), [Annotation](#), and [Experiment packages](#)
 - [Docker](#) and [Amazon](#) machine images
 - [Latest release announcement](#)
 - Use [Bioconductor](#) in the [AnVIL](#). See our [project updates](#).
 - [Community Slack](#) sign-up
 - [Support site](#)
 - [Events calendar](#); email events at [bioconductor.org](#) to add an event.

Develop >

- Contribute to [Bioconductor](#)
- [Developer resources](#)
 - [Use Bioc 'dev'](#)
 - ['Devel' packages](#)
 - [Package guidelines](#)
 - [New package submission](#)
 - [Git source control](#)
 - [Build reports](#)



Interés → Usuarios → Desarrolladores

Dr. Sandrine Dudoit:



Co-fundadora de @Bioconductor
@cendrinou
<https://www.stat.berkeley.edu/users/sandrine/>



Otoño 2007

@lcgunam

SEMINARS **ON**
FRONTIERS IN GENOMICS

¿Quién conoce el lenguaje



<https://speakerdeck.com/joschavezf>

@CDSBMexico

Primera vez de mexican@s en conferencias anuales de desarrolladores de Bioconductor

BioC2008: Alejandra Medina y Leonardo Collado-Torres

BioC2009: Alejandro Reyes

BioC2010:

BioC2011:

BioC2012: Fernando Riveros-Mckay

BioC2013:

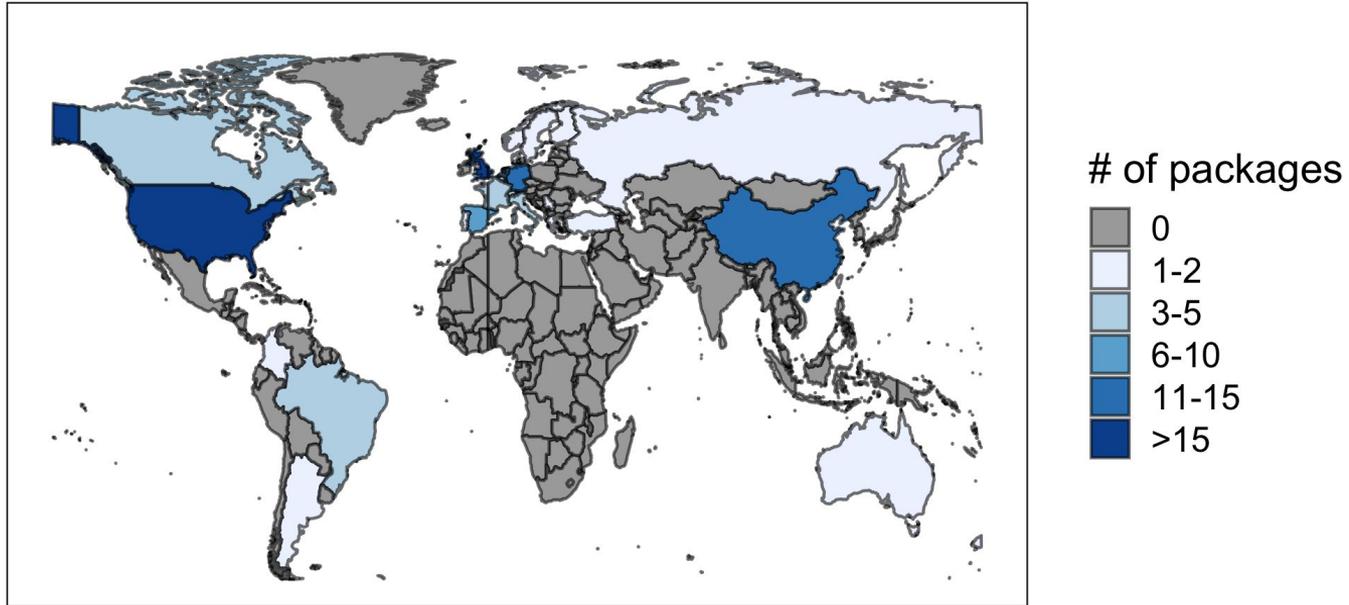
BioC2014:

BioC2015: ?

BioC2016: ?

BioC2017:

¿Por qué no vemos contribuciones de LatAm?



Datos de las últimas sumisiones de software a Bioconductor
(Hecho en el 2018)



Interés → Usuarios → Desarrolladores



¿Cómo le hacemos para fomentar este paso en México y Latino América?



Comunidad de Desarrolladores de Software en Bioinformática (CDSB)



Leonardo Collado-
Torres, PhD

Research Scientist



Genomics, R programming,
Biostatistics, Teaching,
Diversity



Alejandro Reyes,
PhD

Genomic Data Scientist /
Postdoc



Data Science, Genomics, R



Delfino García-
Alonso

Laboratory Technician



Bioinformatics



Alejandra Medina
Rivera, PhD

Investigator



Gene regulation,
Bioinformatics



Heladia Salgado
Osorio

Laboratory Technician



Bioinformatics, Teaching

Founders

¿Cómo quitamos las barreras?

- Talleres enfocados en el desarrollo de software
- Asesoramiento y desarrollo de proyectos de software libre
- Intercambio de ideas y colaboraciones por medio de slack (simulando un departamento universitario)
- Alentamos y apoyamos a nuestros miembros en sus aplicaciones para becas y oportunidades
- Promovemos el trabajo de nuestros miembros (*networking*)
- Promover un ciclo de educación



Logros de la CDSB

- 3 talleres anuales de desarrollo de software (>20 personas c/u, materiales disponibles en Github y YouTube)
- > 10 becas otorgadas a nuestros miembros para congresos internacionales (RStudio y BioC)
- > 5 presentaciones en congresos internacionales (BioC)
- [1 proyecto de software libre en Bioconductor](#) y decenas en Github
- [1 publicación científica \(Bioinformatics\)](#)
- Primeros alumnos están tomando el liderazgo del proyecto y formando sus propias comunidades (e.g. R-ladies)



Vamos a resaltar a participantes de la @CDSBMexico que están en el congreso de #BioC2020 este año

¡Vamos creciendo! ¡Únete!

Más sobre nosotros vía @RConsortium r-consortium.org/blog/2020/03/1...

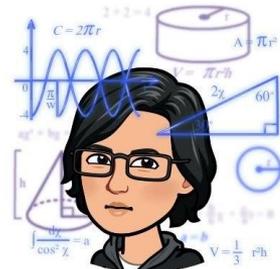
#rstatsES @RBioinformatica @nnb_unam



11:47 AM · Jul 28, 2020



13 See ComunidadBioInfo's other Tweets



No estamos solos, tenemos una amplia red de apoyo



Bioconductor Developer Alumni



Carmina
Barberena-Jonas

Student Intern



Mexican Biobank,
Bioinformatics, R
programming,
Bioconductor, Photography,
Surrealist paintings



Jesus Emiliano
Sotelo-Fonseca

MSc student



Plant Biotechnology,
Bioinformatics, R
programming, Bioconductor



Joselyn Chavez,
Ph.D. Candidate

Ph.D. Candidate



Bioinformatics, R
programming,
Bioconductor, Genetics

Importancia de la regulación de los genes



	Gen1	Gen2	Gen3
Hand			
Eyes			
Brain			

Regulación de genes en bacterias

A black and white icon of a bacterium with flagella next to a vertical DNA double helix icon.

El proyecto regutools

RegulonDB

Datos de regulación génica
y redes de interacción en la
bacteria *E. coli*



 **Bioconductor**
OPEN SOURCE SOFTWARE FOR BIOINFORMATICS



El proyecto regutools

RegulonDB

Datos de regulación
génica y redes de
interacción en la bacteria
E. coli



Motivación:

- Facilitar el acceso programático a la base de datos RegulonDB.
- Facilitar la integración con las herramientas de análisis disponibles en Bioconductor.
- Promover la reproducibilidad.

¿Cómo comenzó este proyecto?



Proyecto de Licenciatura



- Funciones
- Base de datos en SQLite



RegulonDB

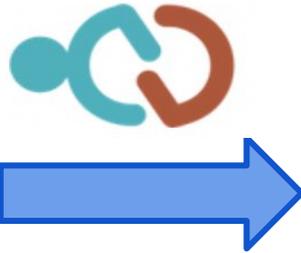
Base de datos



La CDSB fue el catalizador del proyecto regutools

Con qué contábamos?

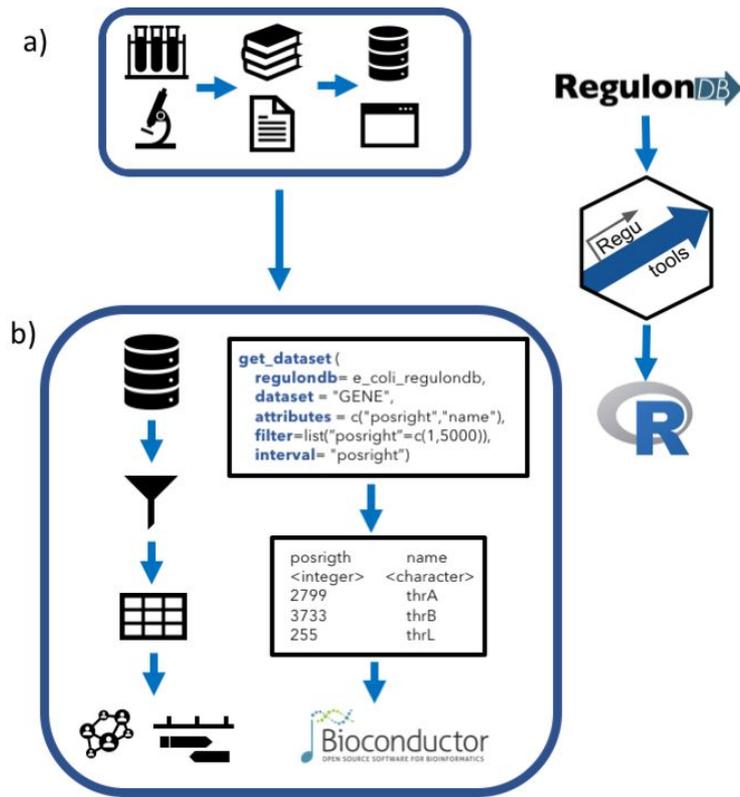
- Funciones
- Base de datos en SQLite



La transformación de regutools como paquete

- Mejoras en las funciones
- Documentación
- Viñetas
- Pruebas
- Flujo de trabajo integrado

Este trabajo se vio reflejado en una publicación



regutools

platforms all rank 1874 / 1905 posts 0 in Bioc < 6 months
build ok updated < 3 months dependencies 165

DOI: [10.18129/B9.bioc.regutools](https://doi.org/10.18129/B9.bioc.regutools)

regutools: an R package for data extraction from RegulonDB

Bioconductor version: Release (3.11)

RegulonDB has collected, harmonized and centralized data from hundreds of experiments for nearly two decades and is considered a point of reference for transcriptional regulation in *Escherichia coli* K12. Here, we present the regutools R package to facilitate programmatic access to RegulonDB data in computational biology. regutools provides researchers with the possibility of writing reproducible workflows with automated queries to RegulonDB. The regutools package serves as a bridge between RegulonDB data and the Bioconductor ecosystem by reusing the data structures and statistical methods powered by other Bioconductor packages. We demonstrate the integration of regutools with Bioconductor by analyzing transcription factor DNA binding sites and transcriptional regulatory networks from RegulonDB. We anticipate that regutools will serve as a useful building block in our progress to further our understanding of gene regulatory networks.

Author: Joselyn Chavez [aut, cre] , Carmina Barberena-Jonas [aut] , Jesus E. Sotelo-Fonseca [aut] , Jose Alquicira-Hernandez [ctb] , Heladia Salgado [ctb] , Leonardo Collado-Torres [aut] , Alejandro Reyes [aut]

Maintainer: Joselyn Chavez <joselynchavezf at gmail.com>

Citation (from within R, enter `citation("regutools")`):

Chávez J, Barberena-Jonas C, Sotelo-Fonseca JE, Alquicira-Hernandez J, Salgado H, Collado-Torres L, Reyes A (2020). *regutools: an R package for data extraction from RegulonDB*. doi: [10.18129/B9.bioc.regutools](https://doi.org/10.18129/B9.bioc.regutools), <https://github.com/comunidadbioinfo/regutools> - R package version 1.0.1, <http://www.bioconductor.org/packages/regutools>.

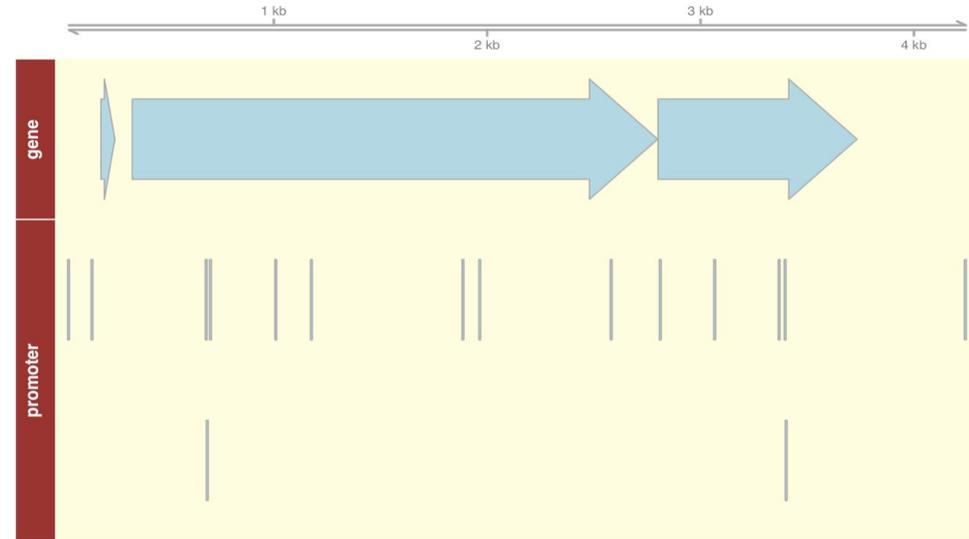
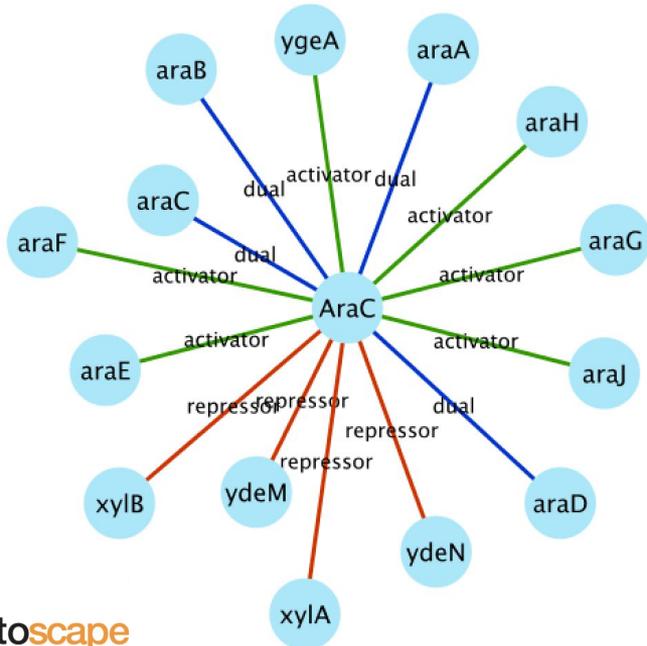
¿Qué podemos hacer con regutools?

Extraer y filtrar datos

```
get_dataset(  
  regulondb = e_coli_regulondb,  
  dataset = "GENE",  
  attributes = c("posleft", "posright", "strand", "name"),  
  filters = list("name" = c("araC", "crp", "lacI"))  
)  
#> regulondb_result with 3 rows and 4 columns  
#>   posleft posright   strand   name  
#>   <integer> <integer> <character> <character>  
#> 1     70387     71265   forward   araC  
#> 2    3486120    3486752   forward    crp  
#> 3     366428     367510  reverse   lacI
```

¿Qué podemos hacer con regutools?

Extraer y visualizar redes de regulación de genes, así como sus componentes.



¿Cuáles son los planes a futuro?

OXFORD
ACADEMIC

Bioinformatics

Issues Advance articles Submit ▾ Purchase Alerts About ▾

Article Contents

Abstract

Author notes

ACCEPTED MANUSCRIPT

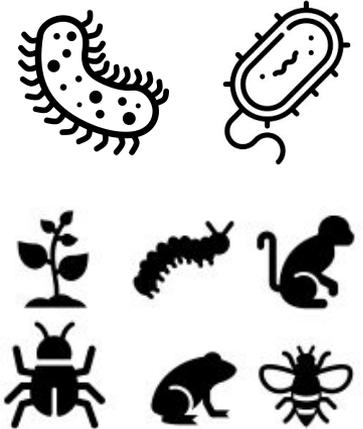
Programmatic access to bacterial regulatory networks with *regutools*

Joselyn Chávez, Carmina Barberena-Jonas, Jesus E Sotelo-Fonseca, José Alquicira-Hernández, Heladia Salgado, Leonardo Collado-Torres ▾, Alejandro Reyes ▾ Author Notes

Bioinformatics, btaa575, <https://doi-org.proxy1.library.jhu.edu/10.1093/bioinformatics/btaa575>

Published: 23 June 2020 **Article history** ▾

Una versión con múltiples organismos



<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa575>

¿Cómo puedes ser parte de esta comunidad?



@CDSBMexico



@CDSBMexico



Envíanos un correo electrónico a:
cdsbmexico@gmail.com



Comunidad de Desarrolladores
de Software en Bioinformática

Principal

Quiénes
somos

Eventos

Blog

Equipo

Código
de
conducta

Patrocínanos

Contacto



Hagamos comunidad

multipliquemos resultados

<https://comunidadbioinfo.github.io/>

¡Sé parte de nuestros cursos!



Taller CDSB 2020: Construyendo flujos de trabajo con RStudio y Bioconductor para datos transcriptómicos de célula única (scRNA-seq)

Red Mexicana de Bioinformática #CDSB2020 @RBioinformatica @CDSBMexico

▶ REPRODUCIR TODO

CDSB2020

7 vídeos • 4 visualizaciones • Actualizado por última vez el 30 ago. 2020

Community of Bioinformatics Software Developers

SUSCRITO

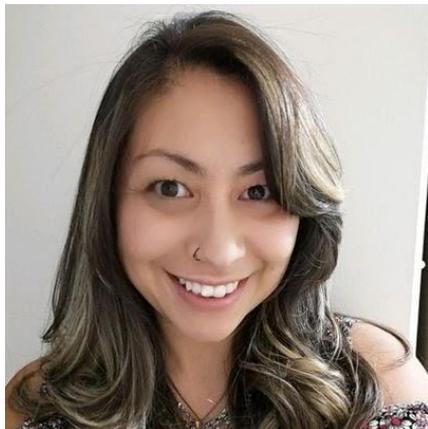
- Bienvenida al Taller CDSB2020**
Community of Bioinformatics Software Developers
25:51
- CDSB2020: Trabajando con Proyectos de RStudio**
Community of Bioinformatics Software Developers
1:01:17
- CDSB2020: Paths seguros y nombres de archivos**
Community of Bioinformatics Software Developers
47:21
- CDSB2020: Introducción a GitHub para R**
Community of Bioinformatics Software Developers
57:50
- CDSB2020: Escritura y documentación de funciones**
Community of Bioinformatics Software Developers

<https://www.youtube.com/channel/UHCdYfAXVzJIUkMoMSGiZMw>

@CDSBMexico: ¡tú eres el futuro! + el presente y la base



@alabasti1



@AnaBetty2304



@Carlos_Aplysia



@josschavezf1



@M2RUserR



@AleMedinaRivera



@areyesq



@lcolladotor



@TeresaOM

Conoce a la comunidad de R-Ladies México



R-Ladies MX

Principal

Eventos

Equipo

Blog

Código de Conducta



R-Ladies México

Comunidad



Visión general

A mediados de 2017 el primer capítulo de R-Ladies en México se integró a la creciente lista de capítulos de R-Ladies alrededor del mundo. Tres años después, 7 capítulos más se han formado y casi 3,000 miembros se han integrado a esta comunidad.

Este año, deseamos unir fuerzas y estrechar lazos reuniendo a las y los miembros de R-Ladies de todo el país en el Primer Encuentro Anual R-Ladies México.



<https://rladiesmx.netlify.app>



¡Gracias!