

# PEC 2 Análisis de datos ómicos

Diego VZ

2023-05-13

- 1 Introducción
- 2 Objetivos
- 3 Métodos
- 4 Resultados
- 5 Discusión
- 6 Apéndice

## 1 Introducción

Este documento presenta un análisis básico de datos de microarrays para dar respuesta al problema biológico que presentan en el siguiente estudio:

Cox, B., Kislinger, T., Wigle, D. A., Kannan, A., Brown, K., Okubo, T., Hogan, B., Jurisica, I., Frey, B., Rossant, J., & Emili, A. (2007). Integrated proteomic and transcriptomic profiling of mouse lung development and Nmyc target genes. *Molecular systems biology*, 3, 109. <https://doi.org/10.1038/msb4100151> (<https://doi.org/10.1038/msb4100151>)

El estudio proporcionado se enfoca en comprender cómo las células progenitoras del pulmón equilibran la proliferación con la diferenciación, lo cual es relevante para trastornos clínicos como la displasia broncopulmonar de los bebés prematuros y el cáncer de pulmón. El estudio muestra que la expresión del protooncogén Nmyc en el pulmón embrionario está normalmente restringida a una población distal de células epiteliales indiferenciadas, una alta proporción de las cuales están en la fase S del ciclo celular. La sobreexpresión de NmycEGFP en el epitelio bajo el control de elementos reguladores de la proteína surfactante C (Sftpc) expande el dominio de células en fase S y aumenta la expresión de numerosos genes asociados con el crecimiento y el metabolismo, mientras que la eliminación condicional de Nmyc conduce a una reducción de la proliferación, la diferenciación epitelial y altos niveles de apoptosis tanto en el epitelio como en el mesénquima. El estudio propone un modelo en el que Nmyc es esencial en el desarrollo del pulmón para mantener una población distal de células progenitoras indiferenciadas y proliferantes.

## 2 Objetivos

Se ha elegido trabajar con el dataset de GSE6077 que contiene 4 samples: GSM140827

lung\_E18\_wildtype\_rep1 GSM140863 lung\_E18\_wildtype\_rep2 GSM140864 lung\_E18\_sftpc-nmyc\_rep1  
GSM140865 lung\_E18\_sftpc-nmyc\_rep2

Para hacer los análisis mas sencillos, hemos denominado a los wildtype=WT y a los sftpc-nmyc=SN. Hemos creado un archivo targets que contiene los datos de los samples.

## 3 Métodos

Para llevar a cabo los análisis estadísticos pertinentes hemos utilizado el programa de lenguaje informático R. Hemos utilizado varias librerías destinadas a la gestión de datos de tipo bio. Hemos utilizado funciones “ad-hoc” y hemos llevado a cabo una normalización y filtrado de datos para seleccionar los genes que más nos interesan. En este caso se ha utilizado el método RMA y se ha utilizado el paquete ArrayQualityMetrics para

realizar el control de calidad. Se ha hecho matriz de contraste y se ha ajustado el modelo posteriormente. El resultado del análisis se ha extraído con la instrucción `topTable` basándonos en dos criterios,  $\log_2\text{foldchange}=3$  y  $\text{valor } p=0,05$ .

Como bien se pide en la práctica, posteriormente se han asociado los identificadores y se ha realizado un estudio de significación biológica. Además se han realizado un volcano plot y un heatmap que nos ayudan a visualizar la expresión de cada gen en cada uno de los samples.

## 4 Resultados

Se observan diferencias en la expresión de genes entre ambos grupos, wildtype y sn. En concreto, se observa una alta expresión del gen *MTM1* en los SN. El *MTM1* es un gene relacionado con enfermedades del sistema respiratorio. Aquí se comparte una captura de la web [malacards.org](https://www.malacards.org) que le da una puntuación de 405.5, la puntuación más alta relacionado con las enfermedades del sistema respiratorio.

El segundo gen sobreexpresado en SN es el *Phgdh* el cuál está relacionado también con enfermedades respiratorias como la fibrosis pulmonar. Aquí se comparte un enlace al estudio en concreto (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5946329/> (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5946329/>)).

Los procesos biológicos identificados en el análisis de enriquecimiento de términos GO, como la citólisis, el desarrollo embrionario de cordados y la defensa contra bacterias Gram-positivas, podrían estar regulados por los genes identificados en el estudio. Esto sugiere que estos procesos biológicos son importantes en el desarrollo pulmonar de ratones y podrían estar regulados por *Nmyc*.

El conjunto de genes identificados como regulados por *Nmyc* y que están involucrados en el procesamiento de ARN y la regulación de la expresión génica podrían ser importantes en la regulación de la expresión génica durante el desarrollo pulmonar de ratones. Esto sugiere que *Nmyc* podría estar involucrado en la regulación de la expresión génica en el pulmón en desarrollo.

El análisis de enriquecimiento de términos GO proporciona una visión general de los procesos biológicos que están regulados por los genes identificados en el estudio, lo que podría ser útil para identificar posibles vías de investigación futura. Por ejemplo, los procesos biológicos identificados podrían ser objeto de estudios más detallados para comprender mejor su papel en el desarrollo pulmonar de ratones y su relación con la regulación de la expresión génica.

El término GO “cytolysis” tiene un valor  $p$  muy bajo (0.0001062734), lo que indica que es altamente significativo y poco probable que se deba al azar. Esto significa que los genes asociados con el término “cytolysis” están sobre-representados en el conjunto de genes de interés en comparación con el conjunto de genes de referencia. El odds ratio de 265 indica que la probabilidad de que los genes identificados en el estudio estén asociados con el término GO “cytolysis” es 265 veces mayor que la probabilidad de que los genes no estén asociados con este término GO. En otras palabras, hay una fuerte asociación entre los genes identificados en el estudio y el término GO “cytolysis”.

En resumen, un valor de  $p$  de 0.0001 y un odds ratio de 265 en el análisis de enriquecimiento de términos GO para el término “cytolysis” sugiere que hay una alta probabilidad de que los genes identificados en el estudio estén asociados con este proceso biológico y que esta asociación es estadísticamente significativa.

Esto sugiere que la citólisis podría ser un proceso biológico clave en el desarrollo pulmonar de ratones y podría ser un objetivo potencial para futuras investigaciones. Además, la identificación de los genes que están asociados con la citólisis podría proporcionar información valiosa sobre los mecanismos moleculares que regulan este proceso biológico en el pulmón en desarrollo.

Igualmente, así como se menciona en el estudio, “la eliminación condicional de *Nmyc* conduce a una reducción de la proliferación, la diferenciación epitelial y altos niveles de apoptosis tanto en el epitelio como en el mesénquima. Inesperadamente, alrededor del 50% de los embriones en los que se elimina solo una copia

de Nmyc mueren perinatalmente, con pulmones anormalmente similares. Proponemos un modelo en el que Nmyc es esencial en el pulmón en desarrollo para mantener una población distal de células progenitoras indiferenciadas y proliferantes”.

## 5 Discusión

En este estudio, se ha llevado a cabo un análisis de datos de microarrays para investigar la expresión génica en el desarrollo pulmonar de ratones y su relación con el protooncogén Nmyc. Los resultados muestran que la sobreexpresión de Nmyc en el epitelio del pulmón embrionario aumenta la expresión de numerosos genes asociados con el crecimiento y el metabolismo, mientras que la eliminación condicional de Nmyc conduce a una reducción de la proliferación, la diferenciación epitelial y altos niveles de apoptosis tanto en el epitelio como en el mesénquima. Además, se han identificado procesos biológicos importantes en el desarrollo pulmonar de ratones, como la citólisis, el desarrollo embrionario de cordados y la defensa contra bacterias Gram-positivas, que podrían estar regulados por los genes identificados en el estudio. Uno de los hallazgos más interesantes del estudio es la asociación entre los genes identificados en el análisis y el proceso biológico de la citólisis. El valor p muy bajo y el odds ratio alto sugieren que hay una fuerte asociación entre los genes identificados y la citólisis, lo que indica que este proceso biológico podría ser clave en el desarrollo pulmonar de ratones y un objetivo potencial para futuras investigaciones. Además, el estudio propone un modelo en el que Nmyc es esencial en el pulmón en desarrollo para mantener una población distal de células progenitoras indiferenciadas y proliferantes. Este modelo proporciona una base sólida para futuras investigaciones sobre la regulación de la expresión génica en el pulmón en desarrollo y su relación con la proliferación y diferenciación celular. En general, este estudio destaca la importancia de la integración de datos de proteómica y transcriptómica para comprender los procesos biológicos complejos en el desarrollo pulmonar de ratones y su relación con enfermedades respiratorias. Los resultados del análisis de datos de microarrays proporcionan información valiosa sobre los genes y procesos biológicos que están involucrados en el desarrollo pulmonar de ratones y podrían ser útiles para identificar posibles vías de investigación futura.

### #Referencias

GeneCards. (s.f.). MTM1 Gene - GeneCards | MTM1 Protein | MTM1 Antibody. Recuperado el 16 de mayo de 2023, de <https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=MTM1> (<https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=MTM1>)

Hamanaka, R. B., Nigdelioglu, R., Meliton, A. Y., Tian, Y., Witt, L. J., O'Leary, E., Sun, K. A., Woods, P. S., Wu, D., Ansbro, B., Ard, S., Rohde, J. M., Dulin, N. O., Guzy, R. D., & Mutlu, G. M. (2018). Inhibition of Phosphoglycerate Dehydrogenase Attenuates Bleomycin-induced Pulmonary Fibrosis. *American journal of respiratory cell and molecular biology*, 58(5), 585–593. <https://doi.org/10.1165/rcmb.2017-0186OC> (<https://doi.org/10.1165/rcmb.2017-0186OC>)

Cox, B., Kislinger, T., Wigle, D. A., Kannan, A., Brown, K., Okubo, T., Hogan, B., Jurisica, I., Frey, B., Rossant, J., & Emili, A. (2007). Integrated proteomic and transcriptomic profiling of mouse lung development and Nmyc target genes. *Molecular systems biology*, 3, 109. <https://doi.org/10.1038/msb4100151> (<https://doi.org/10.1038/msb4100151>)

## 6 Apéndice

En el apéndice se encuentra el código empleado y las anotaciones

[Code](#)

```
## Loading required package: BiocGenerics
```

```
##  
## Attaching package: 'BiocGenerics'
```

```
## The following objects are masked from 'package:stats':  
##  
## IQR, mad, sd, var, xtabs
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':  
##  
## anyDuplicated, aperm, append, as.data.frame, basename, cbind,  
## colnames, dirname, do.call, duplicated, eval, evalq, Filter, Find,  
## get, grep, grepl, intersect, is.unsorted, lapply, Map, mapply,  
## match, mget, order, paste, pmax, pmax.int, pmin, pmin.int,  
## Position, rank, rbind, Reduce, rownames, sapply, setdiff, sort,  
## table, tapply, union, unique, unsplit, which.max, which.min
```

```
## Welcome to Bioconductor  
##  
## Vignettes contain introductory material; view with  
## 'browseVignettes()'. To cite Bioconductor, see  
## 'citation("Biobase")', and for packages 'citation("pkgname")'.
```

[Code](#)

```
##
```

[Code](#)

```
##  
## Attaching package: 'limma'
```

```
## The following object is masked from 'package:BiocGenerics':  
##  
## plotMA
```

[Code](#)

```
## Loading required package: AnnotationDbi
```

```
## Loading required package: stats4
```

```
## Loading required package: IRanges
```

```
## Loading required package: S4Vectors
```

```
##  
## Attaching package: 'S4Vectors'
```

```
## The following object is masked from 'package:utils':  
##  
##   findMatches
```

```
## The following objects are masked from 'package:base':  
##  
##   expand.grid, I, unname
```

```
##  
## Attaching package: 'IRanges'
```

```
## The following object is masked from 'package:grDevices':  
##  
##   windows
```

```
##
```

[Code](#)

```
## clusterProfiler v4.8.1 For help: https://yulab-smu.top/biomedical-knowledge-mining-book/  
##  
## If you use clusterProfiler in published research, please cite:  
## T Wu, E Hu, S Xu, M Chen, P Guo, Z Dai, T Feng, L Zhou, W Tang, L Zhan, X Fu, S Liu, X Bo,  
## and G Yu. clusterProfiler 4.0: A universal enrichment tool for interpreting omics data. The I  
## nnovation. 2021, 2(3):100141
```

```
##  
## Attaching package: 'clusterProfiler'
```

```
## The following object is masked from 'package:AnnotationDbi':  
##  
##   select
```

```
## The following object is masked from 'package:IRanges':  
##  
##   slice
```

```
## The following object is masked from 'package:S4Vectors':  
##  
##   rename
```

```
## The following object is masked from 'package:stats':  
##  
##   filter
```

[Code](#)

```
## Loading required package: BiocParallel
```

```
## Loading required package: Biostrings
```

```
## Loading required package: XVector
```

```
## Loading required package: GenomeInfoDb
```

```
##  
## Attaching package: 'Biostrings'
```

```
## The following object is masked from 'package:base':  
##  
##      strsplit
```

```
## Loading required package: Rsamtools
```

```
## Loading required package: GenomicRanges
```

```
## Loading required package: GenomicAlignments
```

```
## Loading required package: SummarizedExperiment
```

```
## Loading required package: MatrixGenerics
```

```
## Loading required package: matrixStats
```

```
##  
## Attaching package: 'matrixStats'
```

```
## The following objects are masked from 'package:Biobase':  
##  
##      anyMissing, rowMedians
```

```
##  
## Attaching package: 'MatrixGenerics'
```

```
## The following objects are masked from 'package:matrixStats':  
##  
##   colAlls, colAnyNAs, colAnys, colAvesPerRowSet, colCollapse,  
##   colCounts, colCummaxs, colCummins, colCumprods, colCumsums,  
##   colDiffs, colIQRDiffs, colIQRs, colLogSumExps, colMadDiffs,  
##   colMads, colMaxs, colMeans2, colMedians, colMins, colOrderStats,  
##   colProds, colQuantiles, colRanges, colRanks, colSdDiffs, colSds,  
##   colSums2, colTabulates, colVarDiffs, colVars, colWeightedMads,  
##   colWeightedMeans, colWeightedMedians, colWeightedSds,  
##   colWeightedVars, rowAlls, rowAnyNAs, rowAnys, rowAvesPerColSet,  
##   rowCollapse, rowCounts, rowCummaxs, rowCummins, rowCumprods,  
##   rowCumsums, rowDiffs, rowIQRDiffs, rowIQRs, rowLogSumExps,  
##   rowMadDiffs, rowMads, rowMaxs, rowMeans2, rowMedians, rowMins,  
##   rowOrderStats, rowProds, rowQuantiles, rowRanges, rowRanks,  
##   rowSdDiffs, rowSds, rowSums2, rowTabulates, rowVarDiffs, rowVars,  
##   rowWeightedMads, rowWeightedMeans, rowWeightedMedians,  
##   rowWeightedSds, rowWeightedVars
```

```
## The following object is masked from 'package:Biobase':  
##  
##   rowMedians
```

[Code](#)

```
##  
## Attaching package: 'affy'
```

```
## The following object is masked from 'package:ShortRead':  
##  
##   intensity
```

[Code](#)

```
## Setting options('download.file.method.GEOquery'='auto')
```

```
## Setting options('GEOquery.inmemory.gpl'=FALSE)
```

[Code](#)

```
## Loading required package: RSQLite
```

```
## Loading required package: oligoClasses
```

```
## Welcome to oligoClasses version 1.62.0
```

```
##  
## Attaching package: 'oligoClasses'
```

```
## The following object is masked from 'package:affy':
```

```
##
```

```
## list.celfiles
```

```
## The following objects are masked from 'package:ShortRead':
```

```
##
```

```
## chromosome, position
```

```
## Loading required package: oligo
```

```
## =====
```

```
## Welcome to oligo version 1.64.1
```

```
## =====
```

```
##
```

```
## Attaching package: 'oligo'
```

```
## The following objects are masked from 'package:affy':
```

```
##
```

```
## intensity, MAplot, mm, mm<-, mmindex, pm, pm<-, pmindex,
```

```
## probeNames, rma
```

```
## The following object is masked from 'package:ShortRead':
```

```
##
```

```
## intensity
```

```
## The following object is masked from 'package:limma':
```

```
##
```

```
## backgroundCorrect
```

```
## Loading required package: DBI
```

[Code](#)

```
##
```

```
## Attaching package: 'genefilter'
```

```
## The following objects are masked from 'package:MatrixGenerics':
```

```
##
```

```
## rowSds, rowVars
```

```
## The following objects are masked from 'package:matrixStats':
```

```
##
```

```
## rowSds, rowVars
```



```
## The following object is masked from 'package:readr':  
##  
## spec
```

[Code](#)

```
## Loading required package: XML
```

[Code](#)

```
## Loading required package: Category
```

```
## Loading required package: Matrix
```

```
##  
## Attaching package: 'Matrix'
```

```
## The following object is masked from 'package:S4Vectors':  
##  
## expand
```

```
## Loading required package: graph
```

```
##  
## Attaching package: 'graph'
```

```
## The following object is masked from 'package:XML':  
##  
## addNode
```

```
## The following object is masked from 'package:Biostrings':  
##  
## complement
```

```
## Warning: replacing previous import 'utils::findMatches' by  
## 'S4Vectors::findMatches' when loading 'AnnotationForge'
```

```
##  
## Attaching package: 'GOstats'
```

```
## The following object is masked from 'package:AnnotationDbi':  
##  
## makeGOGraph
```

[Code](#)

```
## Rows: 4 Columns: 4
```

```
## — Column specification —————  
## Delimiter: ";"  
## chr (4): fileName, grupos, ShortName, Colors  
##  
## i Use `spec()` to retrieve the full column specification for this data.  
## i Specify the column types or set `show_col_types = FALSE` to quiet this message.
```

[Code](#)

```
## Loading required package: pd.moe430a  
## Platform design info loaded.
```

```
## Reading in : D:/cel type gse pec 2/GSM140827.CEL  
## Reading in : D:/cel type gse pec 2/GSM140863.CEL  
## Reading in : D:/cel type gse pec 2/GSM140864.CEL  
## Reading in : D:/cel type gse pec 2/GSM140865.CEL
```

```
## Warning in read.celfiles(CELfiles, phenoData = targets): 'channel'  
## automatically added to varMetadata in phenoData.
```

```
## Warning: Setting row names on a tibble is deprecated.
```

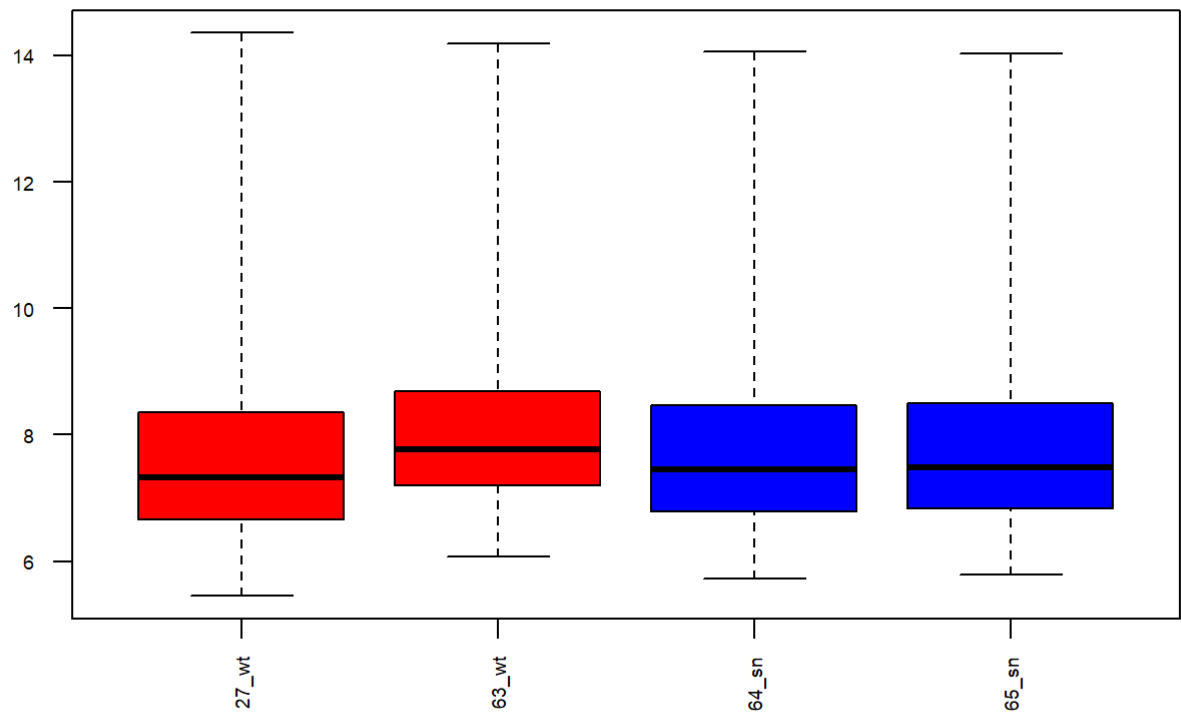
[Code](#)

```
## ExpressionFeatureSet (storageMode: lockedEnvironment)  
## assayData: 506944 features, 4 samples  
##   element names: exprs  
## protocolData  
##   rowNames: 1 2 3 4  
##   varLabels: exprs dates  
##   varMetadata: labelDescription channel  
## phenoData  
##   rowNames: 1 2 3 4  
##   varLabels: fileName grupos ShortName Colors  
##   varMetadata: labelDescription channel  
## featureData: none  
## experimentData: use 'experimentData(object)'  
## Annotation: pd.moe430a
```

[Code](#)

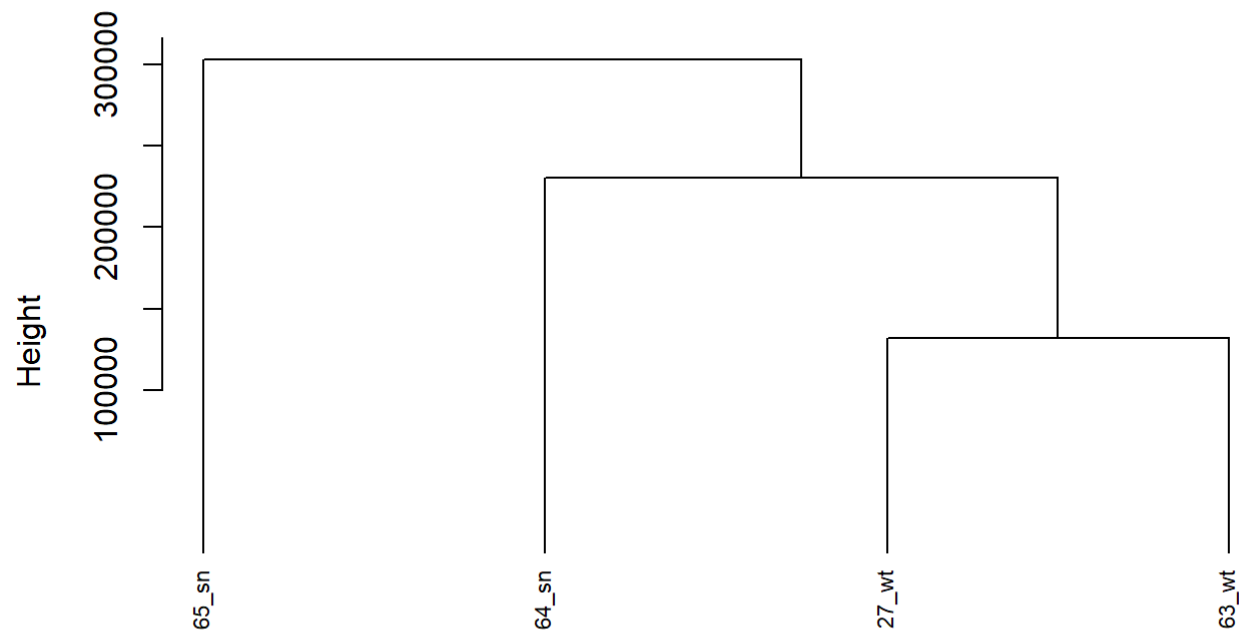
```
## Warning: Setting row names on a tibble is deprecated.  
## Setting row names on a tibble is deprecated.
```

Intensity distribution of RAW data



Code

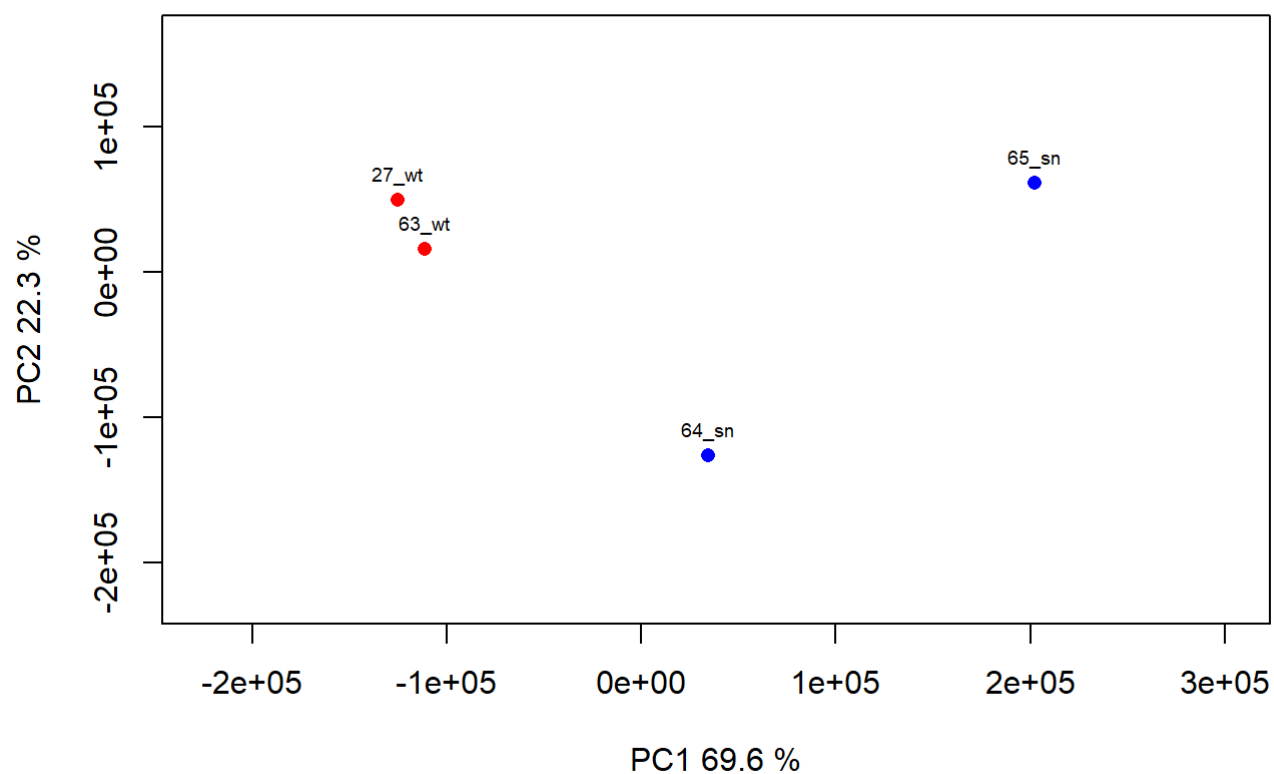
Hierarchical clustering of RawData



```
dist(t(exprs(rawData)))  
hclust (*, "average")
```

Code

## Plot of first 2 PCs for expressions in raw data

[Code](#)

```
## Warning: Setting row names on a tibble is deprecated.  
## Setting row names on a tibble is deprecated.
```

[Code](#)

```
## png  
## 2
```

[Code](#)

```
## Background correcting  
## Normalizing  
## Calculating Expression
```

[Code](#)

```
## ExpressionSet (storageMode: lockedEnvironment)
## assayData: 22690 features, 4 samples
##   element names: exprs
## protocolData
##   rowNames: 1 2 3 4
##   varLabels: exprs dates
##   varMetadata: labelDescription channel
## phenoData
##   rowNames: 1 2 3 4
##   varLabels: fileName grupos ShortName Colors
##   varMetadata: labelDescription channel
## featureData: none
## experimentData: use 'experimentData(object)'
## Annotation: pd.moe430a
```

[Code](#)

```
## Loading required package: org.Mm.eg.db
```

[Code](#)

```
## $eset
## ExpressionSet (storageMode: lockedEnvironment)
## assayData: 3273 features, 4 samples
##   element names: exprs
## protocolData
##   rowNames: 1 2 3 4
##   varLabels: exprs dates
##   varMetadata: labelDescription channel
## phenoData
##   rowNames: 1 2 3 4
##   varLabels: fileName grupos ShortName Colors
##   varMetadata: labelDescription channel
## featureData: none
## experimentData: use 'experimentData(object)'
## Annotation: moe430a.db
##
## $filter.log
## $filter.log$numDupsRemoved
## [1] 8298
##
## $filter.log$numLowVar
## [1] 9818
##
## $filter.log$numRemoved.ENTREZID
## [1] 1288
##
## $filter.log$feature.exclude
## [1] 13
```

[Code](#)

```
## ExpressionSet (storageMode: lockedEnvironment)
## assayData: 3273 features, 4 samples
##   element names: exprs
## protocolData
##   rowNames: 1 2 3 4
##   varLabels: exprs dates
##   varMetadata: labelDescription channel
## phenoData
##   rowNames: 1 2 3 4
##   varLabels: fileName grupos ShortName Colors
##   varMetadata: labelDescription channel
## featureData: none
## experimentData: use 'experimentData(object)'
## Annotation: moe430a.db
```

Code

```
##           WT SN
## 27_wt  1  0
## 63_wt  1  0
## 64_sn  0  1
## 65_sn  0  1
## attr(,"assign")
## [1] 1 1
## attr(,"contrasts")
## attr(,"contrasts")$lev
## [1] "contr.treatment"
```

Code

```
##           Contrasts
## Levels SN.vs.WT
##      WT      -1
##      SN       1
```

Code

```
## [1] 15  6
```

Code

```
## [1] "ACCNUM"      "ALIAS"        "ENSEMBL"      "ENSEMBLPROT"  "ENSEMBLTRANS"
## [6] "ENTREZID"    "ENZYME"       "EVIDENCE"     "EVIDENCEALL"  "GENENAME"
## [11] "GENETYPE"    "GO"           "GOALL"        "IPI"           "MGI"
## [16] "ONTOLOGY"    "ONTOLOGYALL"  "PATH"         "PFAM"          "PMID"
## [21] "PROBEID"     "PROSITE"      "REFSEQ"       "SYMBOL"        "UNIPROT"
```

Code

```
## 'select()' returned 1:1 mapping between keys and columns
```

Code

```
##
## Attaching package: 'dplyr'
##
## The following object is masked from 'package:graph':
##
##     union
##
## The following object is masked from 'package:oligo':
##
##     summarize
##
## The following object is masked from 'package:ShortRead':
##
##     id
##
## The following objects are masked from 'package:GenomicAlignments':
##
##     first, last
##
## The following object is masked from 'package:matrixStats':
##
##     count
##
## The following objects are masked from 'package:GenomicRanges':
##
##     intersect, setdiff, union
##
## The following objects are masked from 'package:Biostrings':
##
##     collapse, intersect, setdiff, setequal, union
##
## The following object is masked from 'package:GenomeInfoDb':
##
##     intersect
##
## The following object is masked from 'package:XVector':
##
##     slice
##
## The following object is masked from 'package:AnnotationDbi':
##
##     select
##
## The following objects are masked from 'package:IRanges':
##
##     collapse, desc, intersect, setdiff, slice, union
##
## The following objects are masked from 'package:S4Vectors':
##
##     first, intersect, rename, setdiff, setequal, union
##
## The following object is masked from 'package:Biobase':
##
##     combine
##
```

```
## The following objects are masked from 'package:BiocGenerics':
##
##   combine, intersect, setdiff, union
##
## The following objects are masked from 'package:stats':
##
##   filter, lag
##
## The following objects are masked from 'package:base':
##
##   intersect, setdiff, setequal, union
```

Code

```
## Joining with `by = join_by(PROBEID)`
```

Code

PROBEID <chr>	ENTRE... <chr>	SY... <chr>	logFC <dbl>	AveExpr <dbl>	t <dbl>	P.Value <dbl>	adj.P.V <dbl>
1 1434278_at	17772	Mtm1	4.654641	7.945429	31.26917	1.013569e-07	0.000267610
2 1436936_s_at	213742	Xist	-3.525688	8.650697	-27.53764	2.117990e-07	0.000267610
3 1419407_at	15139	Hc	-3.977768	8.147541	-25.81893	3.076400e-07	0.000267610
4 1437621_x_at	236539	Phgdh	3.185596	7.622592	25.23744	3.510019e-07	0.000267610
5 1418190_at	18979	Pon1	-3.040917	7.315273	-24.58112	4.088151e-07	0.000267610
6 1426438_at	26900	Ddx3y	3.004130	5.138115	21.81163	8.156975e-07	0.000334244

6 rows

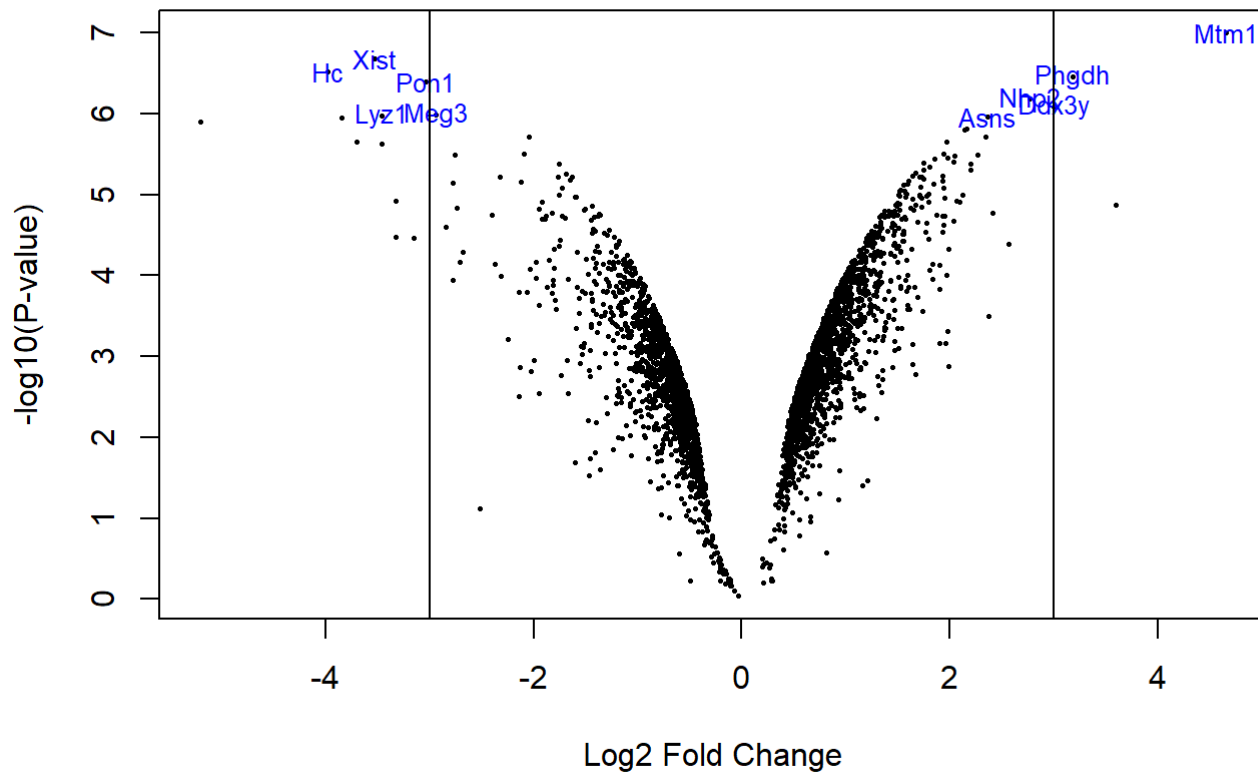
Code

```
## 'select()' returned 1:1 mapping between keys and columns
```

Code

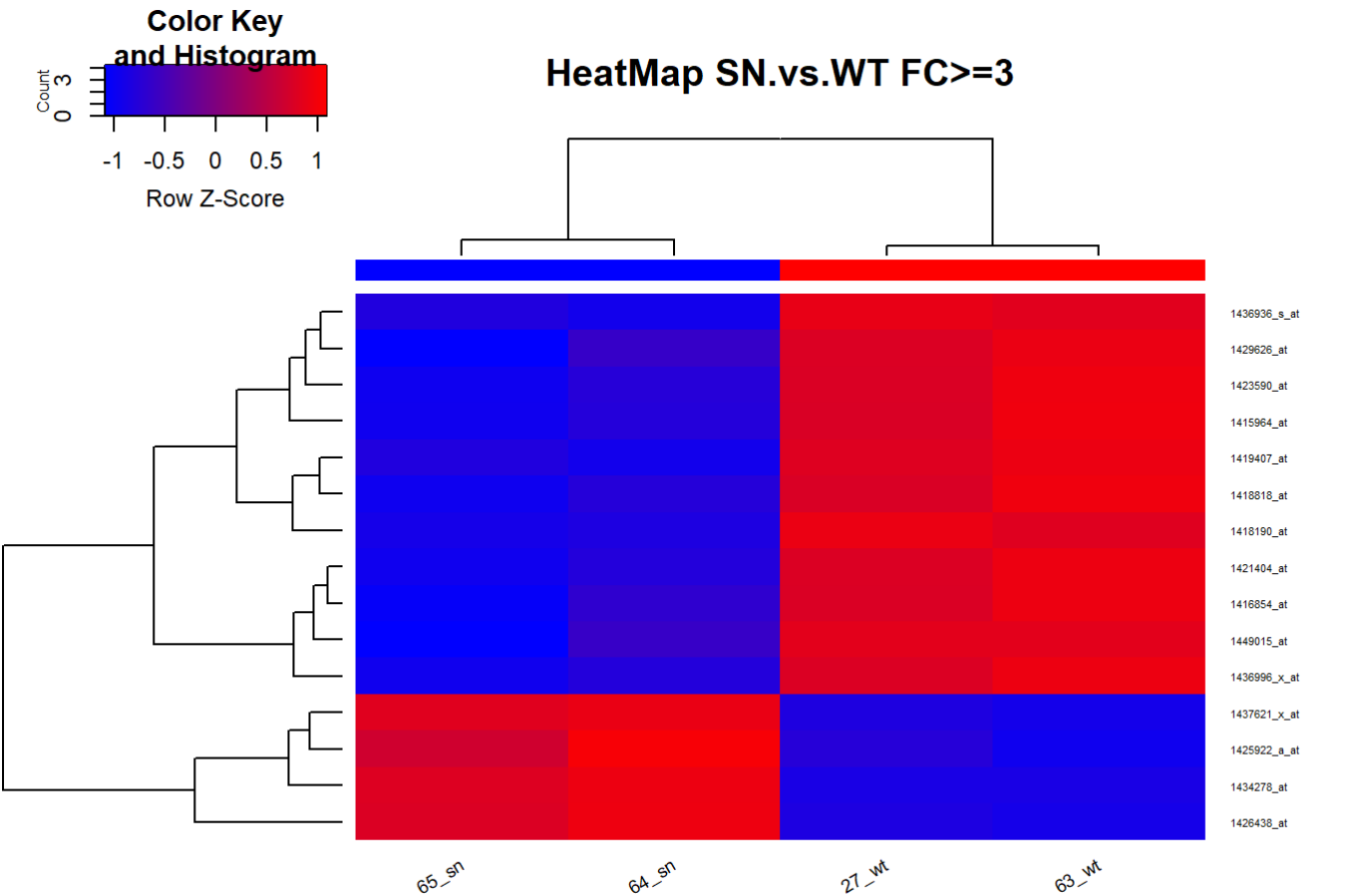


## Differentially expressed genes SN.vs.WT

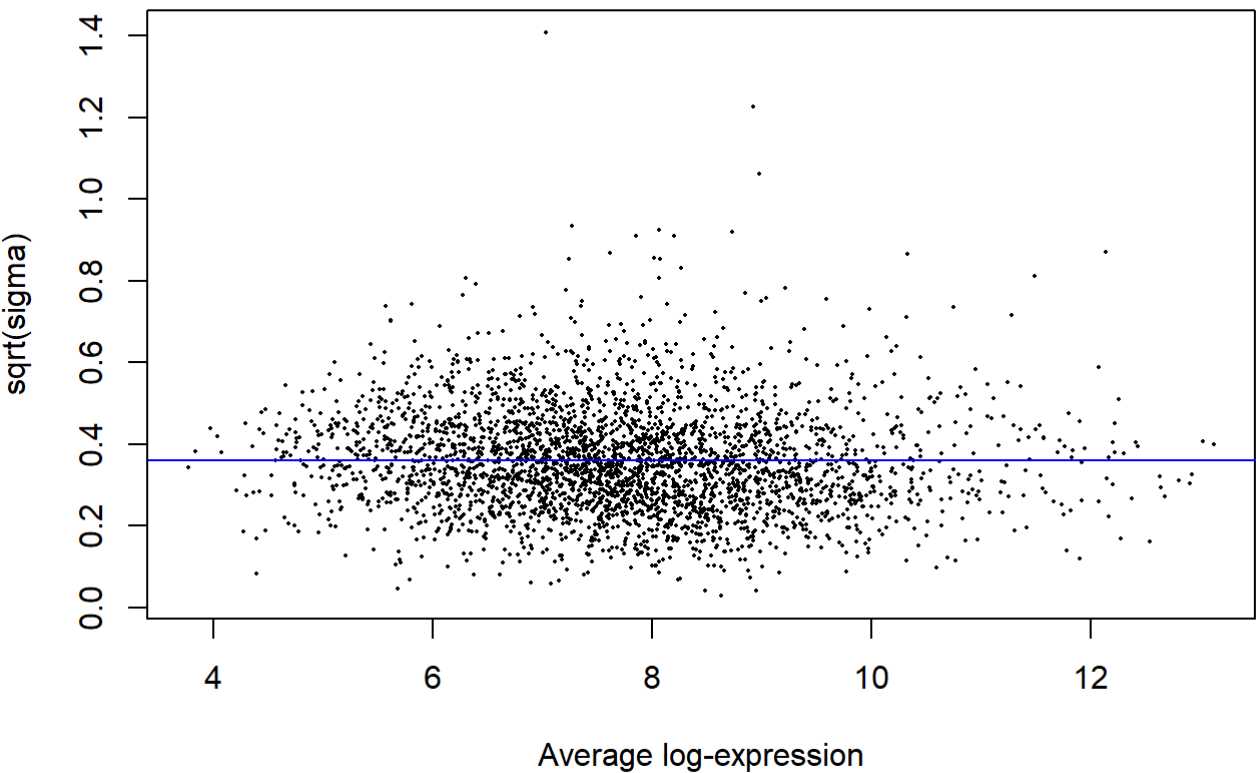
[Code](#)

```
##
## Attaching package: 'gplots'
##
## The following object is masked from 'package:IRanges':
##
##   space
##
## The following object is masked from 'package:S4Vectors':
##
##   space
##
## The following object is masked from 'package:stats':
##
##   lowess
```

[Code](#)



Mean variance trend, GSE6077



Code

```
## 'select()' returned 1:1 mapping between keys and columns
```

Code

```
## 'select()' returned 1:1 mapping between keys and columns
```

Code

GOBPID	Pvalue	OddsRatio	ExpCount	Count	Size
<chr>	<dbl>	<dbl>	<dbl>	<int>	<int>
1 GO:0019835	0.0001062734	265.166667	0.017510944	2	4
2 GO:0043009	0.0012526283	8.333333	0.893058161	5	204
3 GO:0009792	0.0013983153	8.115468	0.914946842	5	209
4 GO:0050830	0.0035645447	27.763158	0.091932458	2	21
5 GO:0046486	0.0037448337	11.787879	0.328330206	3	75
6 GO:0006566	0.0043777361	Inf	0.004377736	1	1

6 rows | 1-7 of 8 columns

Code

```
## [1] 19 7
```

Code

GOBPID <chr>	Pvalue <dbl>	OddsRatio <dbl>	ExpCount <dbl>	Count <int>	Size <int>	
GO:0019835	0.0001062734	265.166667	0.017510944	2	4	
GO:0043009	0.0012526283	8.333333	0.893058161	5	204	
GO:0009792	0.0013983153	8.115468	0.914946842	5	209	
GO:0050830	0.0035645447	27.763158	0.091932458	2	21	
GO:0046486	0.0037448337	11.787879	0.328330206	3	75	
GO:0006566	0.0043777361	Inf	0.004377736	1	1	
GO:0009448	0.0043777361	Inf	0.004377736	1	1	
GO:0048733	0.0043777361	Inf	0.004377736	1	1	
GO:0060708	0.0043777361	Inf	0.004377736	1	1	
GO:0060819	0.0043777361	Inf	0.004377736	1	1	
1-10 of 19 rows   1-6 of 7 columns			Previous	1	2	Next