

Análisis de Datos Ómicos PEC_1

Iago Lastra Rodríguez - Abril 2020

Análisis de Datos Ómicos PEC_1

Abstract

Objetivos

Materiales y Métodos

Procedimiento de trabajo

Resultados

Discusión

Conclusión

Apéndice

Abstract

Objetivos

Aunque los inhibidores de factores de necrosis tumoral [TNF](#) son [utilizados en el tratamiento de enfermedades inflamatorias crónicas](#) no existe demasiada información acerca de cómo pueden afectar estos tratamientos al funcionamiento normal del sistema nervioso central.

En este trabajo se analizarán Microarrays de ARN para buscar diferencias estadísticamente significativas entre muestras sin tratar (WT) y muestras sometidas a tratamientos de inhibición de TNF.

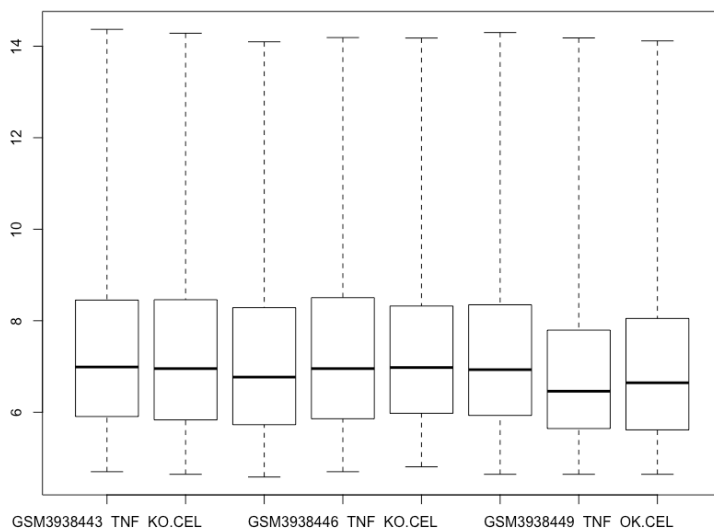
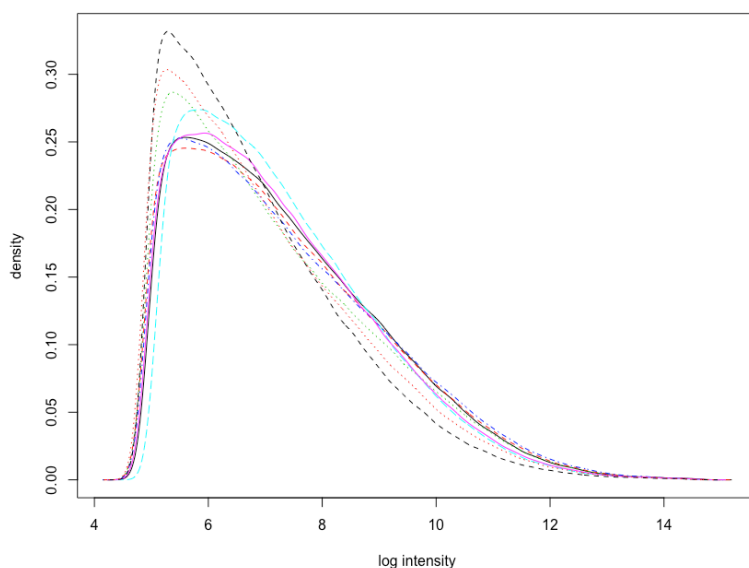
Materiales y Métodos

Este trabajo se basa en estudio de comparación de grupos (class comparison) donde se han tomado muestras correspondientes al día 13.5 de la fase embrionaria (E13.5) al séptimo día de vida (P7) y en adultos de 2 y 4 meses de vida (A2 y A4 respectivamente) de un grupo de control (WT) de ratones [C57BL/6](#) y un segundo grupo de ratones tratados (TNF-/-).

Los microarrays utilizados son del modelo GeneChip Mouse Gene 1.0 ST Array de Affymetrix que según su especificación contienen aproximadamente 25 sondas (probes) diseñadas para cubrir 28,853 genes bien conocidos y anotados.

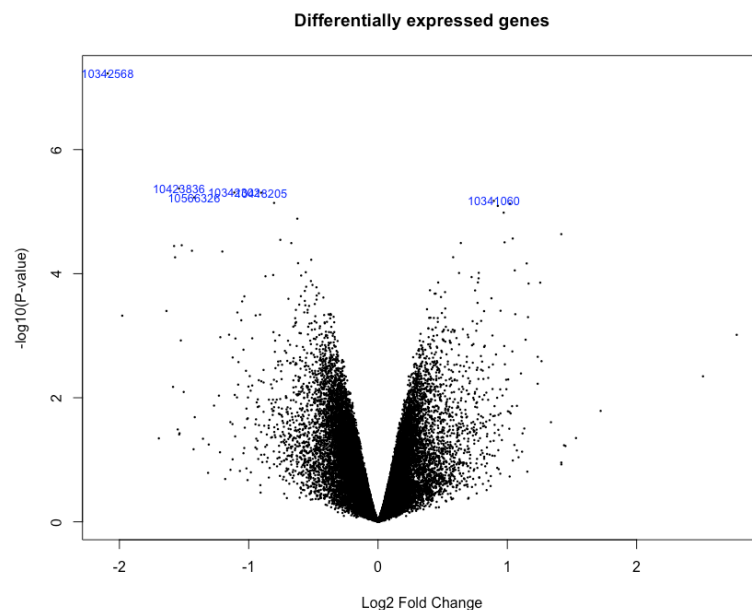
Procedimiento de trabajo

En un primer paso se analizaron gráficamente los archivos .CEL buscando posibles errores en los datos. Aunque tanto el histograma como el boxplot mostraron datos bastante uniformes se realizó una comprobación adicional utilizando el paquete `arrayQualityMetrics` para verificar que los datos no contenían errores.



A continuació se normalitzaren els dades utilitzant el algorimo RMA i se repetí el control de qualitat sobre els mateixos.

Para no perder información no se filtraron datos y se optó por analizar todos los genes mediante el método limma para obtener aquellos con una mayor diferencia de expresión entre ambos grupos.

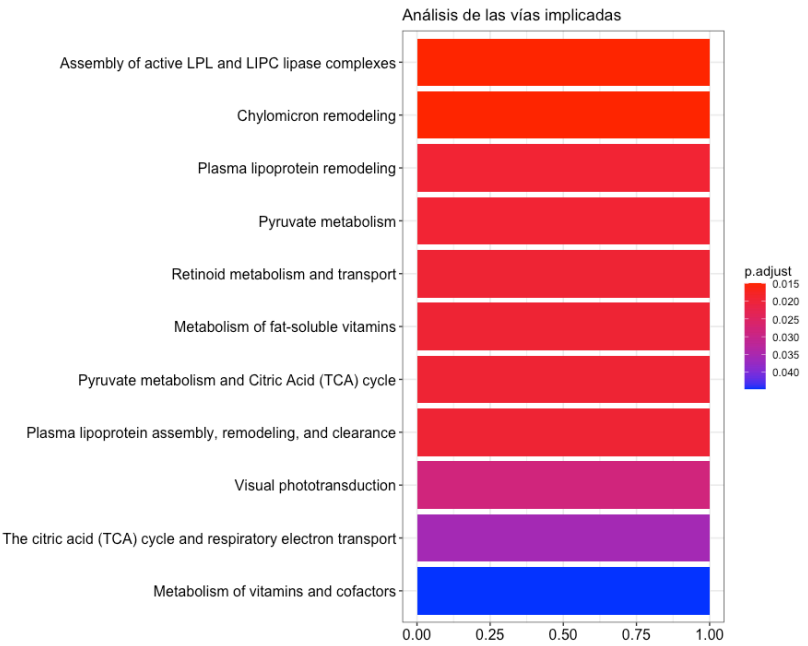


Todos estos genes se ordenaron en función de su p-valor ajustado para realizar un análisis biológico de aquellos con una expresión diferencial mayor:

ID	SYMBOL	Adj P.Val
10423836	Cthrc1	0.0311910
10418205	Plac9b	0.0311910
10566326	Trim12a	0.0311910
10471675	Glo1	0.0311910
10398432	Mir377	0.0311910
10572130	Lpl	0.0361161
10412394	Nnt	0.0410250
10352110	Catspere2	0.0655403
10449644	Glo1	0.0655403
10441952	Ermard	0.0655403
10418210	Tmem254b	0.0655403
10608454	Gm29024	0.0823492
10412665	Rpl21	0.0864309
10423821	Baalc	0.0914298
10450501	Tnf	0.0914298
10590433	1700048O20Rik	0.1130362
10567297	Itpripl2	0.1130362
10421810	Rgcc	0.1130362
10351781	Kcnj10	0.1130362
10442580	Rps2	0.1160296
10428209	Gm10384	0.1160296
10441933	Ermard	0.1160296
10389795	Stxbp4	0.1244142

10442331	Pkmyt1	0.1341670
10492291	Gm9696	0.1341670
10430574	Fam227a	0.1435126
10424060	A930017M01Rik	0.1435126
10376326	Igtp	0.1435126
10424062	A930017M01Rik	0.1460289
10474490	Olfir1283	0.1460289
10368748	Amd1	0.1460289
10369932	Susd2	0.1460289

Con esto se ha podido realizar un análisis enrich dando como resultado las siguientes vías:



Resultados

Discusión

Conclusión

Apéndice

Estudio: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE134178>

ID_DATA: GSE134178

BioProject: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA554146>

Visualizar datos enrichment:

<https://yulab-smu.github.io/clusterProfiler-book/chapter12.html>