

# Ejercicio Gene Set Enrichment

- Vamos a trabajar con la base de datos de Low Grade Glioma de TCGA comparando los subtipos IDHmut-codel vs IDHmut-non-codel.
- Archivos necesarios: TCGA\_LGG\_data\_GSEA.RData, c6.all.v7.1.symbols.gmt, gsea2-2.2.4.jar y script\_enrichment.R.
- Correr las instrucciones en script\_enrichment.R
- **Objetivo:** comparar los gene sets más significativos al usar la prueba hipergeométrica y GSEA.
- Tomar en cuenta que al correr GSEA se debe de generar un directorio donde se guardan los resultados.
- Entregar un reporte en blackboard.