

Informe

Noé

2025-04-02

Contents

1 Abstract	1
2 Objectius	1
3 Mètodes	2
3.1 Construcció del SummarizedExperiment:	2
3.2 Descripció i resum numèric univariant:	2
3.3 PCA i Agrupament Jeràrquic:	3
4 Resultats	3
4.1 Anàlisi descriptiu i resum numèric univariant:	3
4.2 PCA i Agrupament Jeràrquic:	6
5 Discussió	8
6 Conclusions	8
7 Referències	9

1 Abstract

En aquest estudi es pretèn realitzar un estudi exploratori de dades metabòliques de l'estudi *“Differential Metabolites and Disturbed Metabolic Pathways Associated with chlorpromazine Poisoning”* amb referència **ST001739** en MetabolomicsWorkbench.

Aquest estudi es basa en un anàlisi descriptiu i dels principals components estadístics que proporcionen una visió general del dataset. On s'ha hagut de realitzar anteriorment, una construcció de l'objecte que contingui la informació de l'estudi: SummarizedExperiment.

I una posterior implementació de tècniques exploratòries, com PCA i un Agrupament jeràrquic. Ambdues tècniques, han mostrat una tendència de que les diferents mostres de ratolí s'agrupin en diferents grups. Aquest grups estan conformats per els efectes de la intoxicació per clorpromazina, fet que podria indicar una alteració en els perfils metabòlics de manera diferencial, i per tan, una alteració en les vies metabòliques de les diferents mostres analitzades, que defineixin cada cas.

2 Objectius

En aquest projecte es pretèn realitzar un anàlisi exploratori amb l'objectiu de poder comprendre en profunditat l'estructura que tenen les dades emprades, ja sigui per entendre com aquestes dades estan estructurades, les seves principals característiques estadístiques (estadístics), i si cal fer un procés de filtratge de dades donada

la presència de valors perduts. A més, d'una visualització d'aquestes per poder veure si cal aplicar alguna transformació a les dades.

Per una altre banda, amb l'ús de diverses tècniques com una PCA o un agrupament jeràrquic, poder determinar si les mostres emprades es troben diferenciades unes de les altres, donada l'alteració dels metabòlits en el torrent sanguini per culpa de l'enverinament per clorpromazina. D'aquesta manera, gràcies als agrupaments, poder determinar si les mostres es troben ben diferenciades unes de les altres.

3 Mètodes

Per aquest estudi, s'han utilitzat dades provinents de **Metabolomics Workbench**, específicament de l'estudi **ST001739** titulat *“Differential Metabolites and Disturbed Metabolic Pathways Associated with chlorpromazine Poisoning”*.

Els investigadors que han desenvolupat aquest estudi, han emprat i analitzat mostres biològiques de ratolins, els quals se'ls hi ha subministrat clorpromazina, un atípicotí, en mateixes dosis. D'aquests animals, van extreure mostres sanguínees dels morts per intoxicació per clorpromazina, mostres de ratolins intoxicats però sense morir, i mostres de ratolins no intoxicats, com a control.

Per poder detectar els metabòlits, s'ha combinat la cromatografia líquida d'alt rendiment i l'espectrometria de masses d'alta resolució (UPLC-HRMS), amb la finalitat de poder identificar els metabòlits diferencials associats amb la intoxicació letal per clorpromazina (CPZ), i per tant, quines són les vies metabòliques que s'han trobat alterades per aquesta intoxicació.

Per realitzar l'estudi que es pugui entendre bé el que s'ha fet, s'ha separat en 3 etapes, que corresponen als diferents nivells de l'estudi. També s'ha emprat com a guia l'exemple el document: <https://aspteaching.github.io/AMVCasos/#ejemplo-pca-1-bÃžsqueda-de-factores-latentes-en-datos-ecolÃžgicos1>

3.1 Construcció del SummarizedExperiment:

Per poder treballar s'ha hagut de construir un SummarizedExperiment, una classe que permet guardar dades respecte l'estudi, provinents de tècniques com microarray o RNA-seq, en aquest cas d'espectrometria de masses.

Per poder realitzar el SummarizedExperiment, s'ha emprat els paquets *“SummarizedExperiment”* i *“metabolomics WorkbenchR”*, respectivament per generar la classe i descarregar l'experiment de la plataforma de MetabolomicsWorkbench, a partir de la funció [*do_query()*].

3.2 Descripció i resum numèric univariant:

Per poder treballar amb la matriu de dades i realitzar un anàlisi descriptiu, primer de tot s'ha hagut d'extreure la matriu del SummarizedExperiment, continguda com a assay. Aquesta matriu resultant és pràcticament amb la que es treballarà al llarg de l'estudi.

Per comprendre l'estructura de les dades s'ha implementat la funció [*str()*], per determinar el tipus de dades amb les que es treballen, com també el tipus de variables que analitzem. Totes elles numèriques.

També, he mirat si hi ha presència de números perduts (Na's) o números nuls. Aquests, a l'hora de realitzar posteriors processos poden ser molestos per l'estudi, i entorpir el procés. Per tant, han sigut eliminades les files amb valors Na's o nuls.

Finalment, s'ha mirat la dimensió de les dades amb les que es treballa després de la modificació, 325 (metabòlits) * 30 (mostres). I s'ha realitzat un resum estadístic, per explorar ràpidament els estadístics principals de les diferents mostres en funció dels diferents metabòlits en sang.

Un cop realitzada l'exploració, per contrastar els resultats, he construït uns histogrames, un per cada mostra per veure quina és la distribució de les concentracions metabòliques, i un diagrama de caixes (BoxPlot), que permet veure si cal alguna transformació de les dades.

3.3 PCA i Agrupament Jeràrquic:

Per realitzar aquests dos processos primer de tot s'han normalitzat les dades, per si fós el cas que les dades no estan en la mateixa escala, doncs així que quedin escalades, i treure les diferències sistemàtiques, com és el cas de valors molt alts o baixos de outliers.

A continuació, he formulat l'Anàlisi de Components Principals (PCA) amb [prcom()], on s'han estipulat els colors segons el fenotip de les mostres (Blau = Control, Vermell = Morts per enverinament, Verd = només intoxicats), així serà més fàcil catalogar les mostres en la PCA, i també s'han etiquetat cada mostra corresponent.

Pel que fa l'agrupament jeràrquic, ha servit com a contrast amb la PCA, per veure si l'agrupament que aquesta tècnica em generava, era igual a les tendències intrínseques que mostrava la PCA amb les mostres.

4 Resultats

4.1 Anàlisi descriptiu i resum numèric univariant:

Amb les dades que treballem, són les que es mostren a continuació:

```
#SummarizedExperiment
library(metabolomicsWorkbenchR)
library(SummarizedExperiment)
SE_experiment <- do_query(context = 'study',
                          input_item = 'study_id',
                          input_value = 'ST001739',
                          output_item = 'SummarizedExperiment')

#Generació de taula de dades:
matriz_metabolitos<-assay(SE_experiment)
matriz <- data.frame(matriz_metabolitos)
rownames(matriz) <- rownames(matriz_metabolitos)
```

De la taula de dades creada anomenada “*matriz*”, no hi ha cap valor nul, però sí que n’hi han valors perduts (Na’s), en concret 30 Na’s.

```
matriz_neta <- na.omit(matriz) #eliminació Na's
```

Després d’eliminar-los, estem treballant amb un data.frame (*matriz_neta*) que conté 325 files, que corresponen als diferents metabòlits, i 30 columnes, corresponents a les diferents mostres de ratolí.

Comparant la dimensió inicial de les dades, on era una taula de 326 files x 30 columnes, s’ha reduït una fila amb l’eliminació de Na’s.

Es pot observar que en les dades inicials, aquests 30 Na’s corresponien a un metabòlit en concret, sense medicacions. A l’eliminar aquesta fila, 30 Na’s, un per columna, la taula resultant de l’estudi ha quedat amb un metabòlit menys (fila).

A més, el data.frame està compost únicament de variables de tipus numèriques, sent 30 variables en total, amb una longitud de 325 valors per variable.

```
str(matriz_neta)
```

```
## 'data.frame':   325 obs. of  30 variables:
## $ FCS1 : num  7332284 6732751 1333260 11921369 4646279 ...
## $ FCS2 : num  13104559 8115000 809485 15646333 1713192 ...
## $ FCS3 : num  12599217 10072704 2752612 18209421 2827638 ...
## $ FCS4 : num  12722891 9351066 5524092 12591201 2253902 ...
## $ FCS5 : num  13241862 9591180 4309110 12715117 2212733 ...
```

```

## $ FCWS1: num 9123494 10222020 731131 12898007 4160956 ...
## $ FCWS2: num 8912003 9905821 535413 17126930 3037486 ...
## $ FCWS3: num 12340101 9655406 1064938 17521896 2567837 ...
## $ FCWS4: num 8964435 10164078 2347810 18003334 3502713 ...
## $ FCWS5: num 11585131 12515860 481818 15759903 2798733 ...
## $ FT1 : num 37325253 18526512 13350945 35663582 265087 ...
## $ FT2 : num 43144954 11105144 1875753 18047322 128042 ...
## $ FT3 : num 45015529 12029915 1723597 18957784 457161 ...
## $ FT4 : num 30738872 12360240 1695841 16589103 345151 ...
## $ FT5 : num 48193641 12710292 1930660 14881781 184972 ...
## $ MCS1 : num 4960220 6577836 11931404 9655376 41728 ...
## $ MCS2 : num 8713577 6560774 2012238 11204891 317153 ...
## $ MCS3 : num 12558654 10565535 22914995 15059623 123420 ...
## $ MCS4 : num 11642838 7877545 4268995 16734553 56341 ...
## $ MCS5 : num 12918220 10235496 24934258 14174203 225728 ...
## $ MCWS1: num 10069604 9349532 1397265 17065936 35526 ...
## $ MCWS2: num 11599981 9060284 2116767 12371992 95283 ...
## $ MCWS3: num 4736159 4619325 640011 10041332 1523313 ...
## $ MCWS4: num 8570822 8155701 3504633 12365753 37494 ...
## $ MCWS5: num 12356870 8561216 2093485 13051378 137944 ...
## $ MT1 : num 19922939 12448424 961028 21241487 72759 ...
## $ MT2 : num 25415963 9234215 740795 15113523 39532 ...
## $ MT3 : num 21022265 7636000 1554244 15758415 56064 ...
## $ MT4 : num 20290369 17882917 803779 21134059 31997 ...
## $ MT5 : num 19636156 8073882 1730313 14535747 90787 ...
## - attr(*, "na.action")= 'omit' Named int 239
## ..- attr(*, "names")= chr "ME403893"

```

Per últim, pel que fa els estadístics de cada variable, tenen una mediana al voltant de $1.5e+07$ (varien segons la mostra), on el valor mínim més petit de totes les mostres correspon al de la mostra MCWS3, i el valor màxim més elevat de totes les mostres correspon a la mostra de MCWS1, amb un valor de $1.54e+10$. Aquesta gran diferència entre els valor màxims i mínims podria indicar una gran dispersió dels valors, o presència de outliers molt elevats o petits.

Gràcies als histogrames graficats, s'ha vist que la gran majoria dels valors dels metabòlits per mostra, es troben concentrats en valors relativament baixos comparat amb els màxims, establint una distribució desplaçada en el cantó esquerre. A continuació, es mostra un histograma de la mostra FCS1, ja que totes les altres mostres, tenen una representació similar.

FCS1

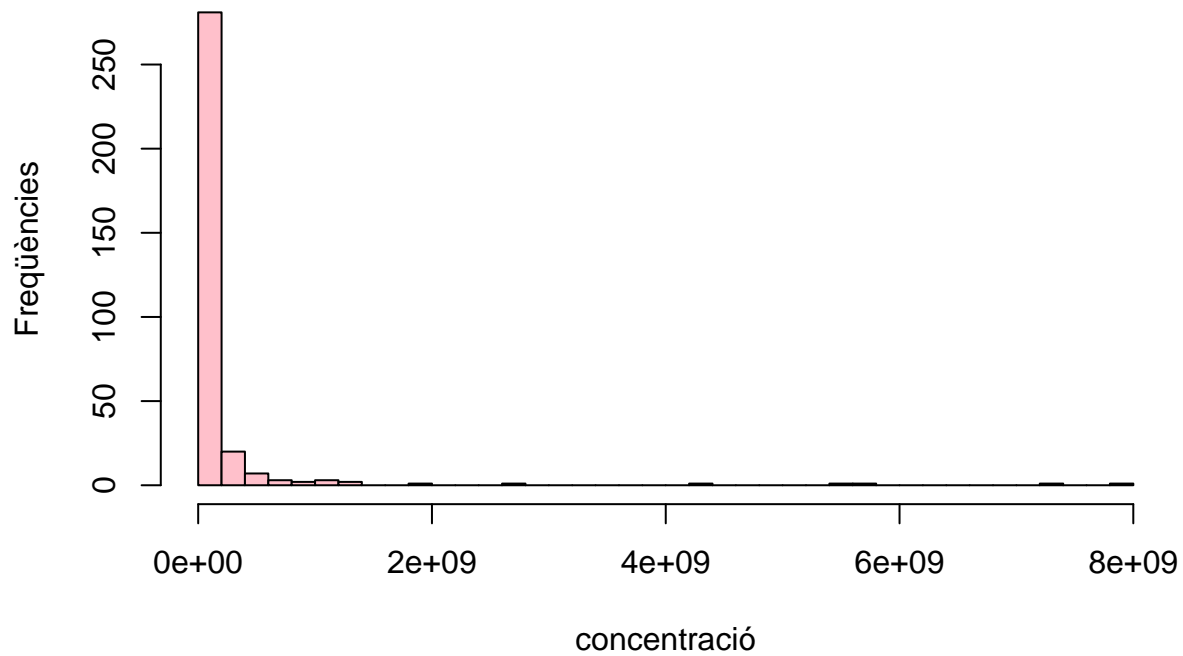
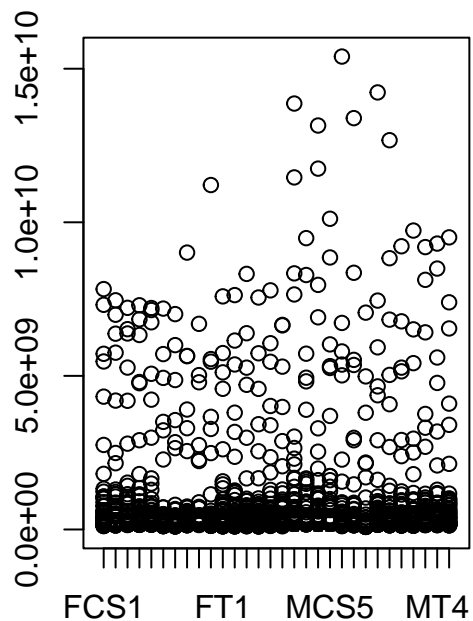


Figure 1: Histograma de la primera mostra

Per finalitzar en la graficació, s'han visualitzat amb uns boxplots totes les mostres, on es pot veure un número elevat de outliers que impedeixen visualitzar correctament les mostres. Per això, també s'ha procedit a normalitzar les dades, per evitar que aquests outliers tan elevats puguin arribar a afectar a l'estudi.

Boxplot Complet



Boxplot sense outliers

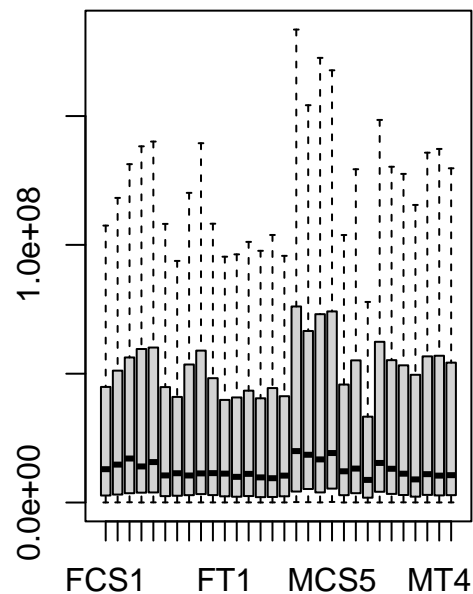


Figure 2: BoxPlot després de Normalitzar. Boxplot de l'esquerre complet, i el boxplot de la dreta sense outliers per millorar l'interpretació

Boxplot dades normalitzades xplot dades normalitzades sense o

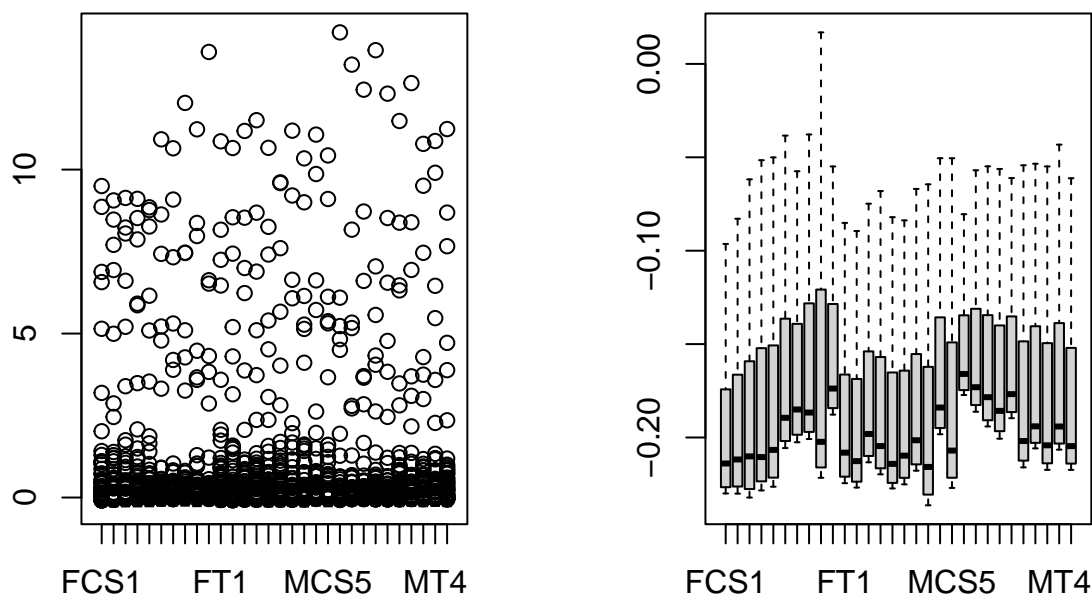


Figure 3: BoxPlot després de Normalitzar. Boxplot de la esquerre completo, i el boxplot de la dreta sense outliers per millorar l'interpretació

4.2 PCA i Agrupament Jeràrquic:

Com es pot veure en la PCA, la desviació estàndard és major en el primer component (8.57), mentre que a mida que es van passant als següents components aquesta va decaient (7.70, 6.03, 5.10...).

A continuació, es mostren les característiques dels 5 primers components principals, encara que en el codi original penjat al github, es pot veure tots els components principals: (https://github.com/Noe81018/NOE_PAC1_DADESOMIQUES/blob/main/Cosi_Exploratori.R).

```
##              PC1      PC2      PC3      PC4      PC5
## Standard deviation  8.576865 7.704339 6.037306 5.106528 4.155187
## Proportion of Variance 0.226350 0.182640 0.112150 0.080240 0.053120
## Cumulative Proportion 0.226350 0.408980 0.521130 0.601370 0.654490
```

En la graficació de la PCA s'ha vist una tendència subyacent de les mostres, on aquestes s'agrupen en funció del seu fenotip. És a dir, si aquestes corresponen a mostres control, si després d'intoxicació per antipsicòtic han mort, o si només han quedat intoxicades.

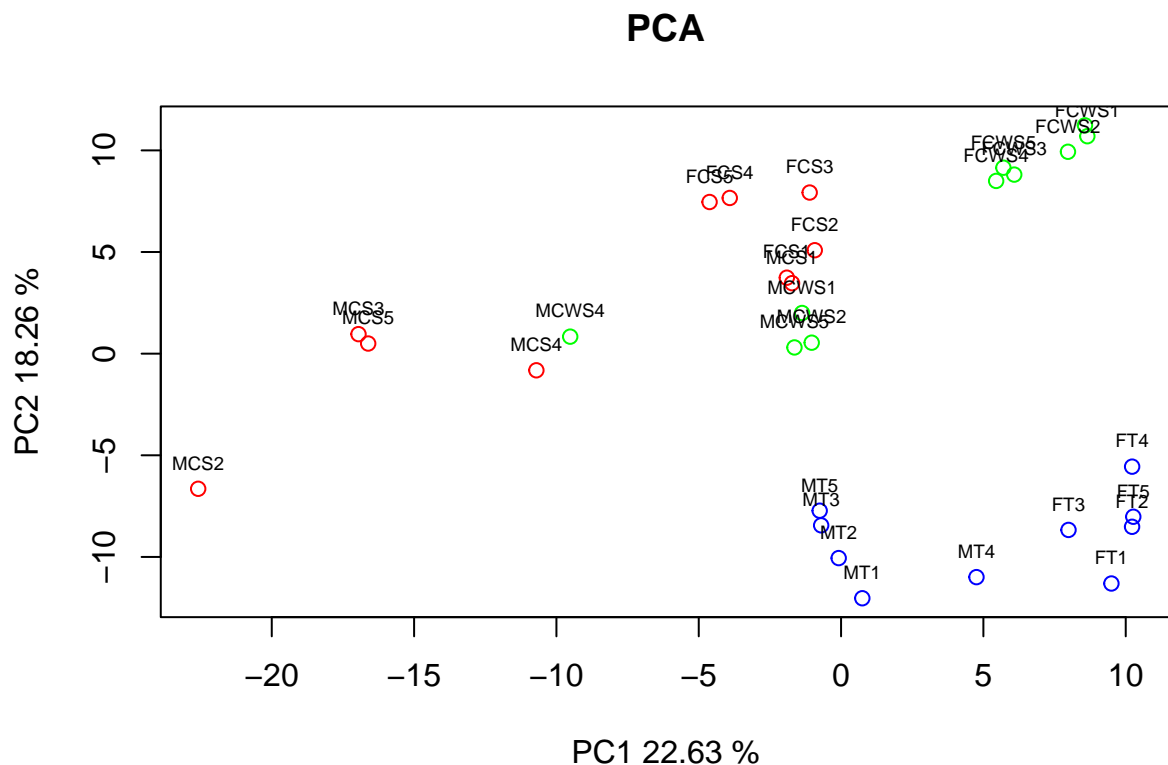


Figure 4: PCA a partir de les dades normalitzades

També es pot observar en la gràfica, que el PC1 explica un 22.63% de la varianza explicada total, mentres que el PC2 un 18.26%. Si sumem els 2 primers components dona un 40.89%, donant indicis que només amb dos components no són suficients per definir gran part de la variança explicada. Podria ser, que donada la complexitat de les variables, no es pugui representar la complexitat només amb dos components.

Per donar contrast als resultats obtinguts a la PCA, mitjançant un agrupament jeràrquic, s'ha vist també que les mostres tendeixen a agrupar-se en funció del fenotip d'aquestes. El que podrien indicar que, les concentracions dels metabòlits en les diferents mostres, està relacionat amb el seu fenotip.

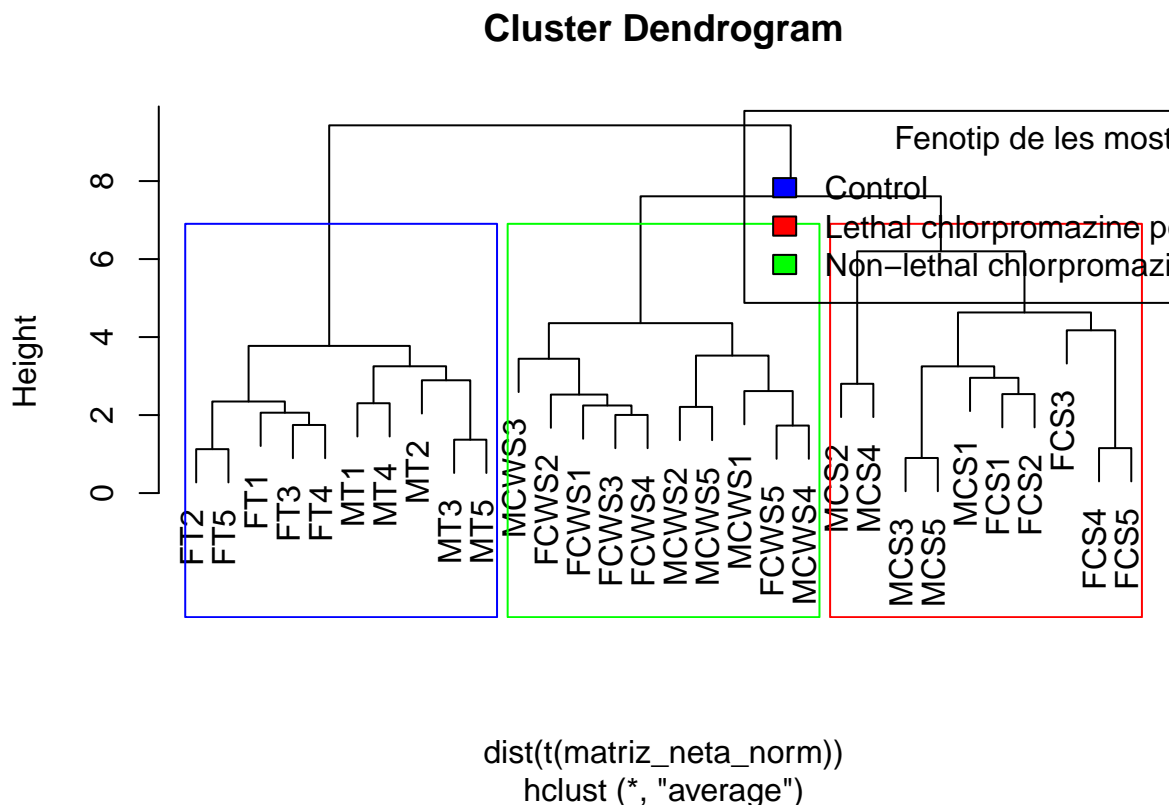


Figure 5: Agrupament jeràrquic de les mostres

5 Discussió

En aquest estudi realitzat, s'ha abordat desde una perspectiva una mica “superficial”, pel que fa un estudi metabòlic, per tenir una visió general de com les dades treballades es troben estructurades, tant a nivell descriptiu d'aquestes, com pot ser la seva organització, estructura, i els principals trets estadístics, com la visualització d'aquestes per poder veure si escalen algun tipus de transformació necessària.

A més, d'implementar tècniques multivariants, com la PCA i un agrupament jeràrquic per poder esbrinar si n'hi han patrons subyacents, gràcies als agrupament de les mostres.

Uns factors a tenir en compte en aquest estudi, és la falta d'experiència i coneixement, per tant, podria ser que calgués algun tipus de transformació necessària de les dades, a banda de la normalització, com pot ben ser un logaritme. En principi, no s'ha considerat l'efecte Batch, ja que sembla que les mostres s'han agrupat correctament per el tipus fenotípic d'aquestes, la qual cosa no s'ha fet cap correcció.

Una limitació que també s'ha trobat, és que la PCA perd variances explicada, probablement per la complexitat de les dades, per tant, caldria més components principals per poder explicar més quantitat de variances.

En principi, els resultats obtinguts, han servit per comendre d'una forma clara i entenedora, de com les dades treballades es troben estructurades i que en un principi semblen diferenciar-se unes mostres de les altres.

6 Conclusions

Encara que s'ha vist en un principi que les dades semblaven no estar preprocessades, ja que contenien valors perduts, i no estar normalitzades. Gràcies al preprocessament, i a les tècniques de PCA i Agrupament Jeràrquic, s'ha pogut revelar possibles alteracions en els nivells dels metabòlits de les mostres dels diferents

ratolins, probablement a causa d'una alteració en les vies metabòliques per cloropromazina, abocant a l'altreació d'unes determinades vies metabòliques o unes altres, depenent si aquests han mort per intoxicació o no, diferenciant els perfils metabòlics en sang de les diferents mostres en tres agrupacions: Control, intoxicat per cloropromazina letal o intoxicació amb cloropromazina no letal.

Per poder realitzar estudis futurs, es podria fer un estudi en profunditat, de quines podrien ser aquestes rutes metabòliques que es troben altrades, i com s'han alterat, “*upregulated*” o “*downregulated*”, per acabar d'entendre l'efecte de la droga en el sistema metabòlic.

7 Referències

- Per accedir al codi realitzat en l'estudi, es troba ubicat en el GitHub, en el documenten **Cosi_Exploratori.R**:

https://github.com/Noe81018/NOE_PAC1_DADESOMIQUES.git

- El material emprat en aquesta PAC ha sigut el següent:

https://aspteaching.github.io/Analisis_de_datos_omicos-Ejemplo_0-Microarrays/ExploreArrays.html

<https://aspteaching.github.io/AMVCasos/#ejemplo-pca-1-bÃşqueda-de-factores-latentes-en-datos-ecolÃşgicos1>

https://mixomicsteam.github.io/mixOmics-Vignette/id_03.html

https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/metabolomicsWorkbenchR/inst/doc/Introduction_to_metabolomicsWorkbenchR.html

<https://www.bioconductor.org/packages/devel/bioc/vignettes/SummarizedExperiment/inst/doc/SummarizedExperiment.html>

https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/metabolomicsWorkbenchR/inst/doc/example_using_structToolbox.html

<https://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/Biobase/inst/doc/ExpressionSetIntroduction.pdf>

<https://aspteaching.github.io/AMVCasos/>