

limma

limma on v3-v1 (follow-up - baseline)

```
data <- read.csv("v3_v1_med_vs_he.csv",row.names=1)
dim(data)
```

```
## [1] 18594      87
```

```
group <- read.csv("v3_v1_med_vs_he_group.csv")
```

```
library(limma)
```

```
## Warning: package 'limma' was built under R version 3.5.1
```

```
Group <- factor(group$Group, levels=c("Med","HE"))
Group
```

```
## [1] Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med
## [18] Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med Med
## [35] Med Med Med Med Med HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE
## [52] HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE
## [69] HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE HE
## [86] HE HE
## Levels: Med HE
```

```
design <- model.matrix(~0+Group)
design
```

```
##      GroupMed GroupHE
## 1           1         0
## 2           1         0
## 3           1         0
## 4           1         0
## 5           1         0
## 6           1         0
## 7           1         0
## 8           1         0
## 9           1         0
## 10          1         0
## 11          1         0
## 12          1         0
## 13          1         0
## 14          1         0
## 15          1         0
## 16          1         0
## 17          1         0
## 18          1         0
## 19          1         0
## 20          1         0
## 21          1         0
## 22          1         0
## 23          1         0
## 24          1         0
## 25          1         0
```

## 26	1	0
## 27	1	0
## 28	1	0
## 29	1	0
## 30	1	0
## 31	1	0
## 32	1	0
## 33	1	0
## 34	1	0
## 35	1	0
## 36	1	0
## 37	1	0
## 38	1	0
## 39	1	0
## 40	0	1
## 41	0	1
## 42	0	1
## 43	0	1
## 44	0	1
## 45	0	1
## 46	0	1
## 47	0	1
## 48	0	1
## 49	0	1
## 50	0	1
## 51	0	1
## 52	0	1
## 53	0	1
## 54	0	1
## 55	0	1
## 56	0	1
## 57	0	1
## 58	0	1
## 59	0	1
## 60	0	1
## 61	0	1
## 62	0	1
## 63	0	1
## 64	0	1
## 65	0	1
## 66	0	1
## 67	0	1
## 68	0	1
## 69	0	1
## 70	0	1
## 71	0	1
## 72	0	1
## 73	0	1
## 74	0	1
## 75	0	1
## 76	0	1
## 77	0	1
## 78	0	1
## 79	0	1

```

## 80      0      1
## 81      0      1
## 82      0      1
## 83      0      1
## 84      0      1
## 85      0      1
## 86      0      1
## 87      0      1
## attr("assign")
## [1] 1 1
## attr("contrasts")
## attr("contrasts")$Group
## [1] "contr.treatment"

colnames(design) <- c("Med", "HE")

fit <- lmFit(data, design)
fit <- eBayes(fit)

contrast.matrix <- makeContrasts( Med.vs.HE=Med-HE, levels=design)

fit2 <- contrasts.fit(fit, contrast.matrix)

fit2.eBayes <- eBayes(fit2)

tab2 <- as.data.frame(fit2.eBayes)

tt1 <- topTable(fit2.eBayes, number=Inf)

write.csv(tt1, file="v3_v1_med_vs_he_diff_exp_all.csv")

p <- tt1[tt1$P.Value < 0.05,]
write.csv(p, file="v3_v1_med_vs_he_diff_exp_p_0.05.csv")

p1 <- tt1[tt1$P.Value < 0.01,]
write.csv(p1, file="v3_v1_med_vs_he_diff_exp_p_0.01.csv")

```

HEATMAP OF DIFF EXP GENES

```
heat <- read.csv("v3_v1_med_vs_he_heatmap_input_p_0.05.csv", row.names = 1)
```

```
library(ggplot2)
library(gplots)
```

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

```
groups <- c(rep("Med", 38), rep("HE", 48))
```

```
coloursSamples <- factor(groups, levels=c("Med", "HE"))
coloursSamples <- colorRampPalette(c("royalblue", "orange"))(length(unique(coloursSamples)))[factor(coloursSamples)]
```

