

Análisis de datos ómicos - Segunda prueba de evaluación continua

Aràntzazu Alonso Carrasco

2023-05-16

Índice

Introducción y objetivos	1
Métodos	2
Resultado	2
Discusión	2
Referencias	2
Apéndice	2

Introducción y objetivos

Para este informe, analizaremos el conjunto de datos **GDS2107** con la serie **GSE3311**, titulado *Long-term ethanol consumption effect on pancreas*. Este estudio se llevó a cabo utilizando muestras de rata común (*Rattus norvegicus*). El conjunto de datos proporciona información detallada sobre los perfiles de expresión génica en el páncreas de ratas sometidas a consumo prolongado de etanol. A través de este análisis, se busca comprender los cambios moleculares y los procesos biológicos involucrados en la respuesta del páncreas al consumo crónico de etanol.

Con todo, el objetivo de este estudio fue investigar los efectos del consumo crónico de etanol en el tejido pancreático.

Métodos

Resultado

Discusión

Referencias

Apéndice

```
#-----  
# INSTALLATION OF PACKAGES NEEDED  
#-----  
  
if (!require("GEOquery"))  
  BiocManager::install("GEOquery")  
  
## Loading required package: GEOquery  
  
## Loading required package: Biobase  
  
## 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)".  
  
## Setting options('download.file.method.GEOquery'='auto')  
  
## Setting options('GEOquery.inmemory.gpl'=FALSE)
```

```

# fileList <- dir()
# datDirs <- grep("dataset", fileList)
# dataDirs <- fileList[datDirs]

```

```

# load library
require(GEOquery)

```

```

rawData <- getGEO("GSE3311")

```

```

## Found 1 file(s)

```

```

## GSE3311_series_matrix.txt.gz

```

```

class(rawData[[1]])

```

```

## [1] "ExpressionSet"
## attr(,"package")
## [1] "Biobase"

```

```

eset <-rawData[[1]]
#TARGETS
targets <-pData(eset)[,c("title","geo_accession","characteristics_ch1")]

# Expression Matrix
expresMat <- exprs(eset)
colnames(expresMat) <- targets$title

# Save data
dirName <- paste0("dataset", "GSE3311")
dir2Save <- ifelse(!dir.exists(dirName),
                  dir.create(dirName), FALSE)
write.csv(targets,file=paste(dir2Save, "txt", sep=".") )
save(eset, expresMat, targets, file=paste(dir2Save, "Rda", sep="."))

```