Przanalizujemy teraz dane pochodzące z: <u>GEO Accession viewer (nih.gov)</u>. W tym badaniu zbadano profile ekspresji dwóch typów komórek: basal stem-cell enriched cells (B) i committed luminal cells (L) w gruczole sutkowym myszy dziewiczych, ciężarnych i karmiących. Dostępnych jest sześć grup. Każda grupa zawiera dwa replikanty biologiczne.

- 1. Za pomocą metody read.delim otwórz plik GSE60450 Lactation-GenewiseCounts.txt
- 2. Pierwsze dwie kolumny zawierają odpowiednio informacje o ID kolejnych genów oraz ich długości. Stwórz ramkę danych zawierającą jedynie zliczenia (bez tych dwóch kolumn), nazwij wiersze wg pierwszej kolumny oryginalnego pliku.
- 3. Zmień nazwy kolumn tak aby zawierały tylko 7 pierwszych znaków (metoda substr).
- 4. Wyznacz CPM dla danych (metoda cpm).
- 5. Pozostaw tylko te rekordy w których CPM jest większe niż 0.5 przynajmniej w dwóch kolumnach. Ile wierszy było na początku a ile jest teraz?
- 6. Narysuj wykres zależności między liczbą zliczeń a CPM dla pierwszej próbki (pierwszej kolumny). Ilu zliczeniom odpowiada wartość progowa CPM = 0.5?
- 7. Zapisz aktualne zliczenia pod obiektem typu DGEList → pod nazwą dgeObj.
- 8. Zastosuj metodę **plotMDS** do dgeObj. Skomentuj wykres.
- 9. Zastosuj normalizację TMM; nadpisz obiekt dgeObj.
- 10. Narysuj wykres MD dla próbki nr 7.
- 11. Stwórz macierz eksperymentu. Przeanalizuj poniższy kod i końcową macierz

sampleinfo <- read.delim("data/SampleInfo\_Corrected.txt")

group <- paste(sampleinfo\$CellType,sampleinfo\$Status,sep=".")

group <- as.character(group)

type <- sapply(strsplit(group, ".", fixed=T), function(x) x[1])

status <- sapply(strsplit(group, ".", fixed=T), function(x) x[2])

design <- model.matrix(~ type + status)

## design

- 12. Wyznacz dyspersję i narysuj wykres.
- 13. Zbuduj model liniowy (w oparciu o utworzoną macierz eksperymentu)
- 14. Porównaj luminal vs basal. Wskaż top10 genów różnicujących.
- 15. Porównaj virgin vs lactate. Wskaż top10 genów różnicujących.