

## Exercício 6B: Análise Detalhada de um Dataset de Expressão Gênica de Leveduras

### Objetivo:

- Consolidar os conhecimentos em análise de dados de expressão gênica utilizando o R.
- Explorar diversas ferramentas e técnicas para uma análise mais profunda.
- Desenvolver habilidades na interpretação e visualização de resultados.

### Instruções:

1. **Contexto:** Você está analisando um conjunto de dados de transcrito em leveduras, com diferentes condições experimentais (fermentação e propagação em tempos variados). O objetivo é comparar a expressão gênica entre:
  - **Group2:** Levedura em condição de fermentação por 60 horas.
  - **Group5:** Levedura propagada por 30 horas após inoculação.
2. **Tarefa:** Usando o arquivo Tutorial\_6B.R como base (fornecido na página da disciplina no GitHub), siga os passos abaixo para gerar um novo contraste e identificar os genes diferencialmente expressos entre **Group2** e **Group5**.

### Passos:

#### 1. Carregar e ajustar os dados:

- Execute o código do arquivo Tutorial\_6B.R até o ponto onde o modelo linear (fit) é ajustado.

#### 2. Criar um contraste:

- Use o comando `makeContrasts` para definir um contraste entre Group2 e Group5.
- Armazene o contraste em uma variável chamada `contrast.matrix`.

```
contrast.matrix <- makeContrasts(group2-group5, levels =  
design$matrix)
```

#### 3. Aplicar o contraste:

- Ajuste os coeficientes do modelo linear aos contrastes usando `contrasts.fit` e `eBayes`.

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

#### 4. Extrair os genes diferencialmente expressos:

- Use o comando `topTable` para obter os genes diferencialmente expressos.
- Ajuste os parâmetros:

- Método de correção: "BH".
- Número máximo de genes: 1000.
- Valor de p ajustado: 0,05.

```
DE_9423_F60_P30 <- topTable(fit2, adjust = "BH", coef = 1,
number = 1000, p.value = 0.05)
```

## 5. Visualizar os resultados:

- Exiba as 10 primeiras linhas da tabela gerada com os genes diferencialmente expressos.
- Quantos genes diferencialmente expressos foram identificados?

```
head(DE_9423_F60_P30, 10)
dim(DE_9423_F60_P30)
```

## Passos adicionais:

1. Gere um dataframe completo contendo informações dos genes diferencialmente expressos, como localização cromossomal, função biológica, etc...
2. Conte o número de genes subexpressos e superexpressos por cromossomo de levedura (dica: utilize o pacote dplyr para esta análise)
3. Gere um gráfico de barras com os dados de genes subexpressos e superexpressos por cromossomo de levedura (dica: use o pacote ggplot2 para a geração do gráfico).