PEC 1: Análisis de Datos Ómicos

Daniel Camacho Montaño

2024-11-01

Contents

1. Introducción

El presente análisis se basa en un conjunto de datos de fosfoproteómica obtenido a partir de un experimento que investigó dos subtipos tumorales diferentes utilizando modelos de xenoinjertos derivados de pacientes (PDX). Las muestras fueron enriquecidas con fosfopéptidos y luego analizadas mediante espectrometría de masas acoplada a cromatografía líquida (LC-MS) en condiciones de duplicados técnicos, lo que permitió medir las abundancias normalizadas de señales MS de aproximadamente 1,400 fosfopéptidos.

El objetivo principal de este análisis es identificar fosfopéptidos que puedan diferenciar entre los dos grupos tumorales mediante el uso de métodos estadísticos y visualizaciones gráficas. Los datos proporcionados están organizados en un archivo de Excel, denominado "*TIO2+PTYR-human-MSS+MSIvsPD.XLSX*".

Los dos grupos tumorales se definen como:

- **Grupo MSS**: Incluye las muestras M1, M5 y T49.
- **Grupo PD**: Incluye las muestras M42, M43 y M64.

Antes de comenzar a trabajar, será necesario crear un repositorio en Git para guardar todos los datos generados durante el análisis. Los repositorios de GitHub ofrecen múltiples beneficios para el desarrollo de software, como el control de versiones, que permite realizar un seguimiento de los cambios y colaborar de manera eficiente. Además, su interfaz intuitiva y herramientas de gestión de proyectos mejoran la comunicación entre los equipos.

En GitHub, podemos crear directamente el repositorio, al que llamaremos "Camacho-Montan-o-Daniel-PEC1". Este repositorio estará vinculado a nuestra carpeta local, de manera que, al actualizar los datos, podremos sincronizar los cambios con el repositorio de forma inmediata.

Para crear el repositorio, primero debemos inicializarlo (`git init`) y configurar nuestros datos en GitHub (nombre de usuario y correo electrónico)..

```
system("git init")  # Inicializa un nuevo repositorio de Git
system("git config --global user.name 'Daniel Camacho'")
system("git config --global user.email 'dcamacmon@uoc.edu'")
```

En caso de no haber problemas, se generarán dichas configuraciones en el repositorio. A continuación, tendremos que vincular el repositorio local con el repostorio remoto. Con el siguiente comando primero asignaremos la URL del repositorio remoto a la variable `repo_url`, y es la que se utilizará para vincular el repositorio local con el repositorio remoto.

Además, con system() ejecutaremos una instrucción de git en el sistema operativo desde R. Paste creará una cadena que combinará el comando de `git remote add origin` con la URL del repositorio remoto, lo que permitirá enviar cambios al repositorio de GitHUB.

```
repo_url <- "https://github.com/dcamacmon/Camacho-Monta-o-Daniel-PEC1"
system(paste("git remote add origin", repo_url))
```

```
## [1] 3
```

Con la respuesta afirmativa, podemos confirmar que el directorio remoto se ha vinculado correctamente al directorio local, y podremos comenzar a trabajar.

2. Lectura de los datos

Para iniciar con el estudio de los datos, primero debemos cargar la información del dataset de metabolómica desde github. El archivo, al tratarse de XLSM, usaremos el paquete `readxl` y cargaremos la información directamente desde el repositorio remoto.

Como estamos importando los datos desde un directorio web, primero crearemos un archivo temporal con la extensión `.xlsx` (llamado `temp_file`), luego descargaremos el archivo desde la URL (`download.file()`) y finalmente cargaremos los datos en nuestro data frame con la función `read_excel()`.

En este caso, como la dirección URL del repositorio original es muy extensa, tendremos que dividirla y posteriormente pegarla con paste0().

```
library(readxl)

url <- paste0("https://github.com/nutrimetabolomics/metaboData/raw/main/",
              "Datasets/2018-Phosphoproteomics/TIO2%2BPTYR-human-MSS%2BMSIvsPD.XLSX")

temp_file <- tempfile(fileext = ".xlsm") #Creación del archivo temporal
download.file(url, temp_file, mode = "wb") #Descarga del archivo desde el repositorio
fosfo_data <- read_excel(temp_file) #Cargamos el documento
```

Con el archivo ya cargado, podemos ver una dsitribución generalizada de los datos con `summary()`.

```r
summary(fosfo_data) #Resumen estadístico básico
```

```
##  SequenceModifications  Accession         Description            Score
##  Length:1438           Length:1438        Length:1438        Min.   : 19.51
##  Class :character      Class :character   Class :character   1st Qu.: 38.96
##  Mode  :character      Mode  :character   Mode  :character   Median : 47.48
##                                                              Mean   : 51.30
##                                                              3rd Qu.: 60.06
##                                                              Max.   :132.19
##     M1_1_MSS           M1_2_MSS           M5_1_MSS           M5_2_MSS
##  Min.   :       0   Min.   :       0   Min.   :       0   Min.   :       0
##  1st Qu.:    5653   1st Qu.:    5497   1st Qu.:    2573   1st Qu.:    3273
##  Median :   30682   Median :   26980   Median :   20801   Median :   26241
##  Mean   :  229841   Mean   :  253151   Mean   :  232967   Mean   :  261067
##  3rd Qu.:  117373   3rd Qu.:  113004   3rd Qu.:  113958   3rd Qu.:  130132
##  Max.   :16719906   Max.   :43928481   Max.   :15135169   Max.   :19631820
##    T49_1_MSS          T49_2_MSS          M42_1_PD           M42_2_PD
##  Min.   :       0   Min.   :       0   Min.   :       0   Min.   :       0
##  1st Qu.:    9306   1st Qu.:    8611   1st Qu.:    5341   1st Qu.:    4216
##  Median :   55641   Median :   46110   Median :   36854   Median :   30533
##  Mean   :  542449   Mean   :  462616   Mean   :  388424   Mean   :  333587
##  3rd Qu.:  223103   3rd Qu.:  189141   3rd Qu.:  180252   3rd Qu.:  152088
##  Max.   :49218872   Max.   :29240206   Max.   :48177680   Max.   :42558111
##     M43_1_PD           M43_2_PD           M64_1_PD           M64_2_PD
##  Min.   :       0   Min.   :       0   Min.   :       0   Min.   :       0
##  1st Qu.:   19641   1st Qu.:   17299   1st Qu.:   11038   1st Qu.:    8660
##  Median :   67945   Median :   59607   Median :   52249   Median :   47330
##  Mean   :  349020   Mean   :  358822   Mean   :  470655   Mean   :  484712
##  3rd Qu.:  205471   3rd Qu.:  201924   3rd Qu.:  209896   3rd Qu.:  206036
##  Max.   :35049402   Max.   :63082982   Max.   :71750330   Max.   :88912734
##     CLASS              PHOSPHO
##  Length:1438        Length:1438
##  Class :character   Class :character
##  Mode  :character   Mode  :character
##
##
##
```

En un análisis preeliminar, vemos que hay 18 columnas de datos:

- La primera columna contiene el tipo de modificaciones en la secuencia peptídica, así como la ubicación de la modificación (identificación de la modificación).
- La tercera columna describe la secuencia analizada.
- La cuarta columna presenta el Score, que evalúa la confiabilidad de la identificación de una secuencia peptídica.
- Las siguientes 12 columnas contienen los datos obtenidos mediante LC-MS para los grupos tumorales y las dos réplicas técnicas.
- Las dos últimas columnas contienen dos variables, CLASS y PHOSPHO, posiblemente de tipo categóricas

Dado que las dos últimas variables son de tipo categóricas, las convertiremos a tipo *factor* para facilitar posibles análisis futuros.

Verificaremos estas dos conversionescon str(), que ahora mostrará las dos variables con los niveles correspondientes.

```
fosfo_data$CLASS<-(as.factor(fosfo_data$CLASS))
str(fosfo_data$CLASS)
```

```
##  Factor w/ 2 levels "C","H": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
```

```
fosfo_data$PHOSPHO<-(as.factor(fosfo_data$PHOSPHO))
str(fosfo_data$PHOSPHO)
```

```
##  Factor w/ 2 levels "S/T","Y": 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 ...
```

Tal y como se sospechaba del análisis estadístico simple, las dos variables pueden ser leídas como categóricas de dos niveles cada una.

2.1 Preprocesado de los datos

Una vez cargados los datos, crearemos un objeto de clase `SummarizedExperiment` (una extensión de `ExpressionSet`), que permite el manejo y almacenamiento de datos de fosfoproteómica. Este formato es adecuado porque organiza los datos de abundancia junto con los metadatos relevantes de las filas (entradas). Gracias a este formato, podemos asociar metadatos a las filas y columnas de manera más clara, y también permite manejar datos con réplicas, lo cual es necesario para nuestro análisis.

Para crear el `SummarizedExperiment`, primero necesitamos cargar el paquete `BiocManager` para instalar y cargar el paquete `SummarizedExperiment`.

```
if (!requireNamespace("SummarizedExperiment", quietly = TRUE)) {
  BiocManager::install("SummarizedExperiment")
}
library(SummarizedExperiment)
```

Una vez tenemos el paquete cargado, debemos extraer los datos de "abundancia", es decir, las lecturas de cada entrada, que se encuentran entre la columna 5 y la 16 (incluidas ambas).

Del mismo modo, creamos un dataframe para los metadatos,los cuales ya conocemos por el análisis preeliminar (información sobre las filas y columnas). Recordemos que tenemos 3 grupos para cada clase tumoral y tenemos 2 réplicas para cada grupo.

```
abundances <- fosfo_data[, 5:16] #Contenemos los datos de abundancias
row_data <- fosfo_data[, c("SequenceModifications", "Accession",
                           "Description", "Score", "CLASS", "PHOSPHO")] #Contenemos los metadatos de la
col_metadata <- DataFrame( #Contenemos los metadatos de las columnas
    SampleID = colnames(abundances),
    Group = c(rep("MSS", 6), rep("PD", 6))
)
```

Como no disponemos de una columna en `row_data` con identificadores, crearemos una nueva columna en los metadatos de las filas denominada peptide_id.

```
row_data$peptide_id <- rownames(abundances)
```

Una vez hemos preprocesado los datos para que tengan el formato adecuado, podemos crear el SummarizedExperiment.

```
se <- SummarizedExperiment(
  assays = list(counts = as.matrix(abundances)),  # Datos de abundancia como matriz
  rowData = row_data,  # Metadatos para las filas
  colData = col_metadata  # Metadatos para las columnas
)
```

Como resumen, los metadatos de las filas (rowData) describirán las características de las entidades medidas, como secuencias, modificaciones o puntuaciones de identificación. Los metadatos de las columnas (colData) contienen información sobre las muestras o grupos tumorales. Los datos de ensayo (assay) son las mediciones experimentales (obtenidos por LC-SM) que se almacenan en una matriz para análisis posteriores.

2.2 Guardado de datos. Creación del repositorio de GitHUB.

Ahora que tenemos el `SummarizedExperiment` (SE), lo exportaremos en formato `.RDA` para incluirlo en nuestro repositorio de GitHub. Además, extraeremos los datos de expresión (assay data), los metadatos de las muestras (colData) y los metadatos de las variables (rowData) en formato de texto.

Como ya disponemos de toda la información de SE, simplemente debemos usar la función save() y especificar el nombre del archivo que crearemos.

```
save(se, file = "Fosfodatos_se.Rda") #Guardamos el SE en formato .Rda
```

Para los datos de ensayo y metadatos, primero debemos seleccionar que datos queremos del SE para cada archivo. Para los datos de assay, los guardaremos en counts, para posteriormente crear el archivo basándonos en esta información. Además, especificaremos la separación por tabuladores (`sep = "\t"`), el nombre de las filas (`row.names = TRUE`) y columnas (`col.names = TRUE`). Es importante especificar que los datos de texto no se rodeen de comillas, por lo que especificaremos que `quote=FALSE`.

```
counts<-assay(se,"counts") #Obtenemos los datos de assay data
write.table(counts, file = "datos_assay.txt", sep = "\t",
            quote = FALSE, row.names = TRUE, col.names = TRUE) #Obtenemos el .txt
```

Seguiremos el mismo procedimiento para los metadatos.

```
sample_metadata <- colData(se) #Obtenemos los metadatos de las muestras
write.table(sample_metadata, file = "metadatos_muestras.txt", sep = "\t",
            quote = FALSE, row.names = TRUE, col.names = TRUE) #Se guardan en un .txt

gene_metadata <- rowData(se) #Obtenemos los metadatos de las variables
write.table(gene_metadata, file = "metadatos_genes.txt", sep = "\t",
            quote = FALSE, row.names = TRUE, col.names = TRUE) #Se guardan en un .txt
```

A veces es conveniente mantener los metadatos por separado. Por ello, crearemos un archivo .md que contenga los metadatos del dataset. Esta información se introducirá en markdown_content, que posteriomente se almacenará en el archivo `metadatos_dataset.md`.

```
writeLines(markdown_content, "metadatos_dataset.md")
```

Toda esta información, junto con el objeto SE, los metadatos y los demás archivos generados, deben almacenarse en un repositorio de GitHub. Con el repositorio local previamente creado, podemos cargar los archivos guardados. Primero, agregamos los archivos al directorio Git (`git add`). Si los archivos ya están guardados, realizamos un commit para "cargar" las modificaciones generadas (`git commit`) y, finalmente, un push para subir los cambios al repositorio remoto (`git push origin main`).

```
# Agregar todos los archivos
system("git add .")
```

```
## [1] 0
```

```
# Hacer commit de los cambios
system("git commit -m 'Añadir_archivos'")
```

```
## [1] 0
```

```
# Hacer push para subir los cambios a GitHub
system("git push origin main") # Asegúrate de que la rama sea correcta
```

```
## [1] 0
```

El mensaje de retorno `[1] 0` indica que los comandos se ejecutaron correctamente, lo que significa que todos los cambios en el directorio de trabajo han sido añadidos al área de preparación (staging area) de Git.

3. Análisis de los datos

3.1 Estudio de la varianza entre réplicas

Con el SE, podremos visualizar los datos para entender su distribución y variabilidad. Tenemos dos grupos principales (las clases tumorales), pero dentro de cada grupo podemos clasificar 3 muestras en cada uno.

Como tenemos dos réplicas de cada muestra, debemos analizar si la varianza es significativa entre ambas lecturas, ya que dicha diferencia podría estar causada por un error de la técnica o la recolección de datos. Usaremos el paquete `car`y analizaremos M1 (M1_1 y M1_2).

```
library(car)
abundancias_M1 <- abundances[, c("M1_1_MSS", "M1_2_MSS")]
```

Crearemos un nuevo data frame con solo los datos de M1, con los datos de la abundancia (tanto de la réplica 1 y la réplica 2), y con la información de qué replica como factor de dos niveles. A continuación, visualizaremos las 6 primeras observaciones, así como la estructura de los datos.

```
# Crear un dataframe con los nombres de las columnas adecuados
datos_M1 <- data.frame(
  Abundancia = c(abundancias_M1[["M1_1_MSS"]], abundancias_M1[["M1_2_MSS"]]),
  Replica = factor(rep(c("Replica 1", "Replica 2"), each = nrow(abundancias_M1)))
)
head(datos_M1)
```

```
##     Abundancia   Replica
## 1     24.29438 Replica 1
## 2      0.00000 Replica 1
## 3   3412.60332 Replica 1
## 4 220431.17880 Replica 1
## 5  18254.77813 Replica 1
## 6 644513.31840 Replica 1
```

```
str(datos_M1)
```

```
## 'data.frame':    2876 obs. of  2 variables:
##  $ Abundancia: num  24.3 0 3412.6 220431.2 18254.8 ...
##  $ Replica   : Factor w/ 2 levels "Replica 1","Replica 2": 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
```

Finalmente, realizaremos el test de varianzas levene entre las dos réplicas.

```
resultados_levene <- leveneTest(Abundancia ~ Replica, data = datos_M1)
print(resultados_levene)
```

```
## Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
##         Df F value Pr(>F)
## group    1  0.2676  0.605
##       2874
```

Vemos que el test de homogeneidad de varianzas acepta la hipótesis nula, por lo que podemos asumir que no hay una variabiliadd significativa entre ambas lecturas.

Para obtener el resultado de test de Levene para todas las réplicas, primero crearemos un nuevo dataframe vacío que contendrá el resultado del test, tanto el p-valor como el identificador de la muestra.

```
abundance_data<-assay(se, "counts")
abundance_data <- scale(abundance_data)
```

```
# Obtenemos los nombres de las columnas para las réplicas
muestras <- c("M1", "M5", "T49", "M42", "M43", "M64")

resultados_levene <- data.frame(Muestra = character(),
                                p_valor = numeric(),
                                stringsAsFactors = FALSE)
```

Seguidamente, iteraremos las muestras en que el sufijo "_MSS" o "_PD" indicará el grupo, y el sufijo "_1" o "_2" indicará la réplica. Entonces, ejecutaremos un bucle `if else`, en que se verifica si existe una columna MSS (if, col1 y col2) o PD (else, col3 o col4) y almacenará las abundancias. Seguidamente, se evaluarán los datos de la varianza de la réplica 1 (_1) respecto a la réplica 2 (_2) con el test de Levene. Finalmente, guardará los datos en el dataframe que hemos creado anteriormente (vacío hasta el momento).

```r
resultados_levene <- data.frame(Muestra = character(),
                                p_valor = numeric(),
                                stringsAsFactors = FALSE) # Inicializamos el dataframe para almacenar

# Iteramos sobre las muestras
for (muestra in muestras) {
  # Definimos los nombres de las columnas de las réplicas de MSS y PD
  col1 <- paste0(muestra, "_1_MSS")
  col2 <- paste0(muestra, "_2_MSS")
  col3 <- paste0(muestra, "_1_PD")
  col4 <- paste0(muestra, "_2_PD")

  # Inicializamos la variable abundancias
  abundancias <- NULL

  # Verificamos si ambas columnas MSS existen, guardamos los datos
  if (col1 %in% colnames(abundance_data) & col2 %in% colnames(abundance_data)) {
    abundancias <- abundance_data[, c(col1, col2)]
  }
  # Verificamos si ambas columnas PD existen, guardamos los datos
  else if (col3 %in% colnames(abundance_data) & col4 %in% colnames(abundance_data)) {
    abundancias <- abundance_data[, c(col3, col4)]
  }

  # Si se encontraron abundancias, se realiza el test de Levene
  if (!is.null(abundancias)) {
    datos <- data.frame(
      Abundancia = c(abundancias[, 1], abundancias[, 2]),
      Replica = factor(rep(c("Replica 1", "Replica 2"), each = nrow(abundancias)))
    )
    resultado_levene <- leveneTest(Abundancia ~ Replica, data = datos)

    # Guardar el p-valor en la tabla de resultados
    resultados_levene <- rbind(resultados_levene,
                               data.frame(Muestra = muestra,
                                          p_valor = resultado_levene$`Pr(>F)`[1]))
  }
}
```

Finalmente, mostramos el resultado de los test de Levene.

```r
print(resultados_levene)
```

```
##   Muestra    p_valor
## 1      M1 0.04475678
## 2      M5 0.87330361
## 3     T49 0.65103490
## 4     M42 0.97244938
## 5     M43 0.20803981
## 6     M64 0.55992030
```

Vemos entonces, que hay diferencias significativas en la variablidad entre las réplicas de las muestras de los dos grupos. Esto implica, que no podemos promediar las réplicas, o mantenerlas independientes para los

futuros análisis. En este caso, debido a que en los estudios de LC-MS la variabilidad puede mostrar diferencias biológicas subyacentes en las muestras, mantendremos cada réplica como una muestra independiente.

3.2 Visualización de la distribución

A continuación, mostraremos la distribución de las muestras de la matriz de abundancia.

Al tratar con 12 columnas de datos al mismo tiempo, numéricamente es difícil determinar algun patrón en ellos. Para evaluarlo más gráficamente, realizaremos un boxplot con estos mismos datos.

Primero tendremos que obtener la matriz de abundancias (counts) desde el SE, y convertirla en una matriz de formato largo (usando la función `melt()`) y modificamos los títulos para facilitar su lectura.

```
library(reshape2)
```

```
abundance_long <- melt(abundance_data)
colnames(abundance_long) <- c("Fosfopéptido", "Muestra", "Abundancia")
```

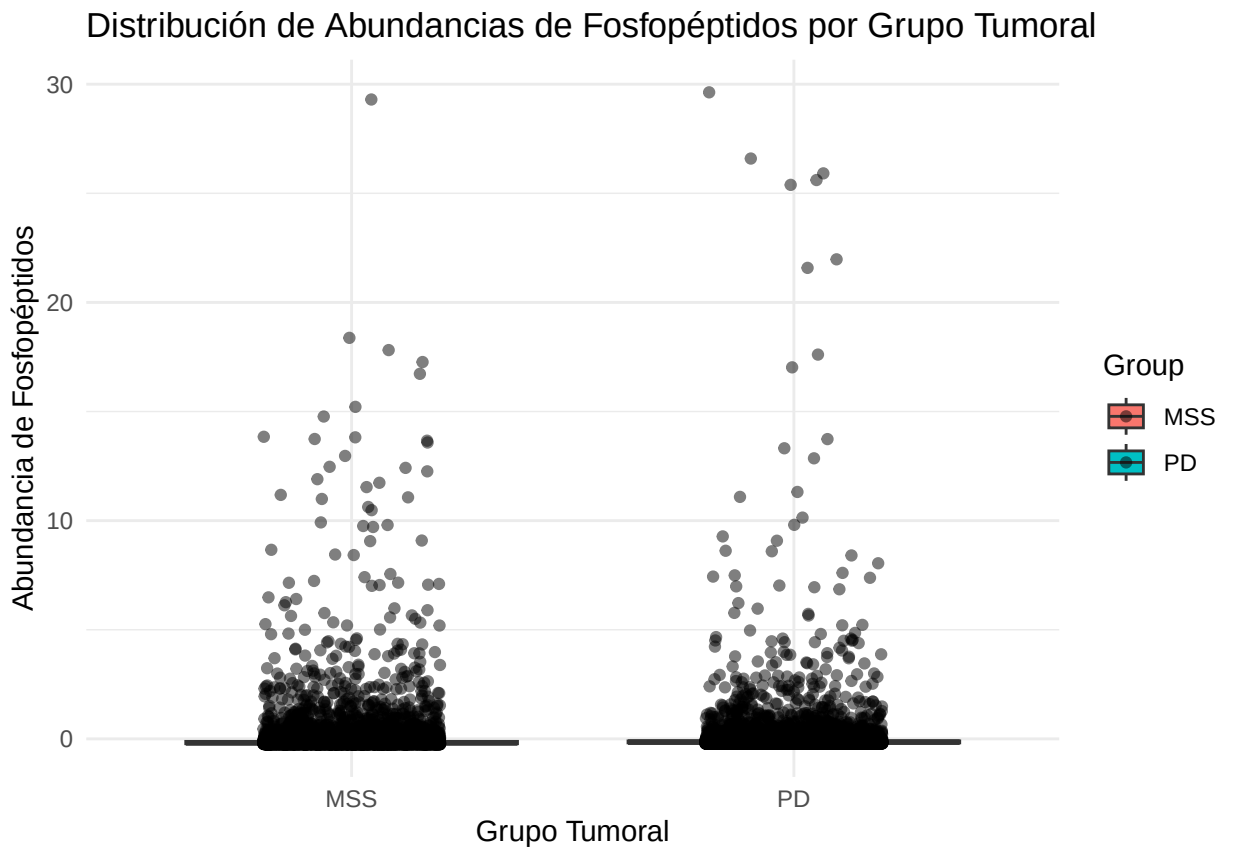
Después, dividiremos los dos grupos tumorales (MSS y PD) y se especificarán correspondientemente.

```
grupos <- as.data.frame(colData(se)$Group)
colnames(grupos) <- "Group"
abundance_long$Group <- rep(grupos$Group, each = nrow(abundance_data))
```

Finalmente, crearemos un gráfico ggplot con los dos grupos, por lo que necesitaremos el paquete `ggplot2`

```
library(ggplot2)
```

```
ggplot(abundance_long, aes(x = Group, y = as.numeric(Abundancia), fill = Group)) +
  geom_boxplot(outlier.shape = NA) +  # Oculta los outliers si hay muchos puntos
  geom_jitter(width = 0.2, alpha = 0.5, color = "black") +  # Añade puntos de dispersión
  labs(title = "Distribución de Abundancias de Fosfopéptidos por Grupo Tumoral",
       x = "Grupo Tumoral",
       y = "Abundancia de Fosfopéptidos") +
  theme_minimal()
```



Vemos que, de entre los dos grupos tumorales, parece ser que el grupo PD tiene una abundancia superior (de hecho, es bastante similar, pero parece que el PD tiene 4 valores mucho más altos).

Para poder ver los datos estadísticos descriptivos de ambos grupos, usaremos el paquete `dplyr`, creando un dataframe con la media, la mediana, la desviación estaándar y el ratio intercuartílico.

```
library(dplyr)
```

```
abundance_stats <- abundance_long %>%
  group_by(Group) %>%
  summarise(
    Media = mean(Abundancia, na.rm = TRUE),
    Mediana = median(Abundancia, na.rm = TRUE),
    SD = sd(Abundancia, na.rm = TRUE),
    IQR = IQR(Abundancia, na.rm = TRUE)
  )
print(abundance_stats)
```

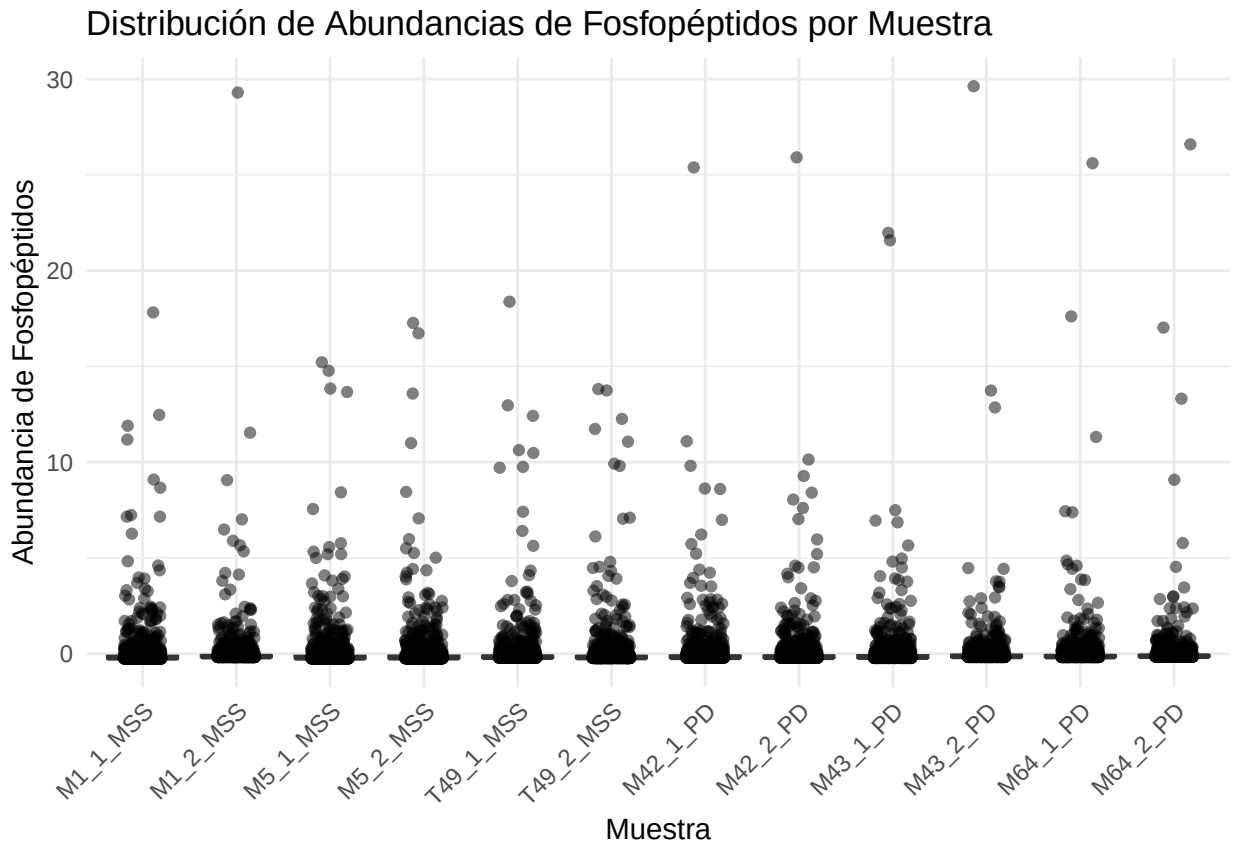
```
## # A tibble: 2 x 5
##   Group    Media Mediana    SD    IQR
##   <chr>    <dbl>   <dbl> <dbl>  <dbl>
## 1 MSS   2.17e-18  -0.184  1.00 0.106
## 2 PD    5.73e-18  -0.147  1.00 0.0928
```

Como ya veíamos en el gráfico original de los grupos tumorales, la media y la mediana de PD es superior a la del grupo MSS. Del mismo modo, la desviación estándar es superior en el grupo PD, por lo que los

valores están más dispersos respecto a la media (tiene una mayor variabilidad), y el IQR superior indica que la mitad cenral de los datos es más dispersa (hay más diferencia entre el Q1 y el Q3).

Como ya tenemos los datos de la muestra en `abundance_long`, solo debemos crear el boxplot en base a esos datos, con las muestras (MSS y PD) en base a su abundancia. Además, como tenemos 12 muestras, inclinamos las etiquetas del eje X para facilitar su lectura.

```
ggplot(abundance_long, aes(x = Muestra, y = Abundancia)) +
  geom_boxplot(aes(fill = Group), outlier.shape = NA) +  # Oculta los outliers
  geom_jitter(width = 0.2, alpha = 0.5, color = "black") +  # Añade puntos
  labs(title = "Distribución de Abundancias de Fosfopéptidos por Muestra",
       x = "Muestra",
       y = "Abundancia de Fosfopéptidos") +
  theme_minimal() +
  theme(axis.text.x = element_text(angle = 45, hjust = 1),  # Rotar etiquetas en el eje x
        legend.position = "none")  # Eliminar la leyenda
```



Como sabemos, las muestras M1, M5 y T49 son del grupo MSS, mientras que las muestras M42, M43 y M64 son del grupo PD. En el gráfico, vemos que las muestras de MSS tienen valores inferiores, excepto la muestra T49, que parece tener unos valores más altos. En cambio, en PD, vemos que todas las muestras parecen tener valores superiores a MSS, lo que explicaría la diferencia de medias.

3.3 Análisis de los Componentes Principales (PCA)

Para profundizar con el análisis de los datos, realizaremos un análisis de los componentes principales (PCA), ya que nos pueden proporcionar datos relevantes, así como permitirnos identificaar outliers que desvían el

patrón general de los datos. Un paso previo a realizar en un análisis de PCA es normalizar los datos. En este caso, obviaremos este proceso, ya que como se explica en la introducción, estas lecturas ya han sido normalizadas previamente.

Primero crearemos un nuevo objeto con los daos de las abundancias con varianza diferente a 0 (ya que los valores con varianza 0 son constantes, no aportan información relevante al análisis). Para poder aplicar el mismo procedimiento a todas las filas, emplearemos la función `apply`. Seguidamente, filtraremos aquellos datos que tengan una varianza inferior a 0.01

```
# Extraemos los datos de abundancia y calculamos la varianza de todos los datos de abundancia
colMeans(abundance_data)  # Debe devolver valores cercanos a 0
```

```
##      M1_1_MSS      M1_2_MSS      M5_1_MSS      M5_2_MSS     T49_1_MSS
##  1.271487e-17  6.961814e-18  1.394203e-17 -5.229504e-18 -2.072153e-17
##     T49_2_MSS      M42_1_PD      M42_2_PD      M43_1_PD      M43_2_PD
##  5.445439e-18  1.758850e-18  6.677117e-19  9.952343e-18  1.405934e-17
##      M64_1_PD      M64_2_PD
##  8.302666e-18  1.288376e-18
```

```
apply(abundance_data, 2, sd)
```

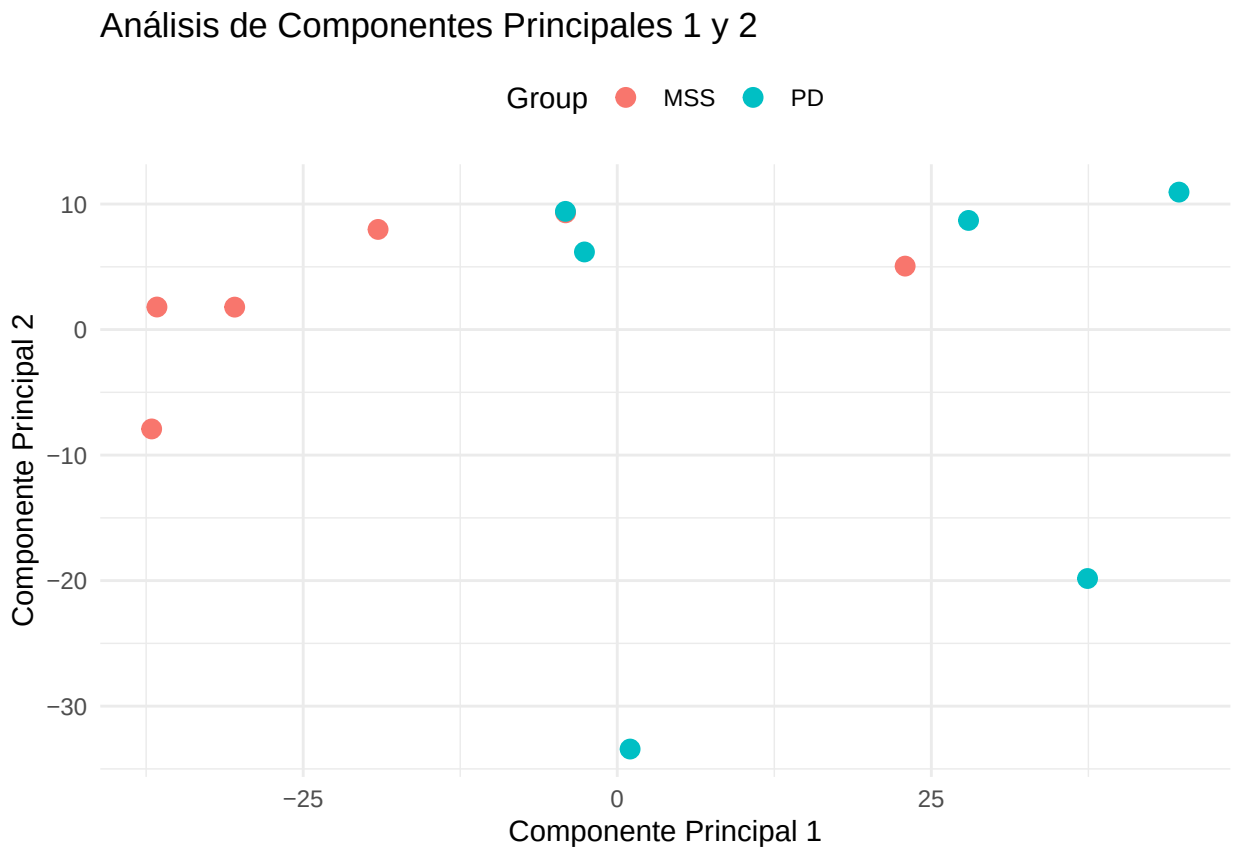
```
##  M1_1_MSS  M1_2_MSS  M5_1_MSS  M5_2_MSS T49_1_MSS T49_2_MSS  M42_1_PD  M42_2_PD
##         1         1         1         1         1         1         1         1
##  M43_1_PD  M43_2_PD  M64_1_PD  M64_2_PD
##         1         1         1         1
```

A continuación, realizaremos el PCA y crearemos el data frame con los resultados. Además, cabe destacar la necesidad de transponer los datos de los fosfopéptidos para que se encuentren en las columnas (hasta ahora se han encontrado en las filas). El PCA se centrará y escalará los datos, lo que es recomendable para asegurar que todas las variables contribuyan de manera equitativa al análisis. También añadiremos la información de los grupos (MSS o PD), lo que facilitará la lectura de los datos en función de los grupos.

```
pca_result <- prcomp(t(abundance_data), center = TRUE, scale. = TRUE)

pca_data <- as.data.frame(pca_result$x)
# Agregamos información de grupo
pca_data$Group <- colData(se)$Group
```

Finalmente, para analizar visualmente la distribución, realizaremos un gráfico con el paquete ggplot2.

```
ggplot(pca_data, aes(x = PC1, y = PC2, color = Group)) +
  geom_point(size = 3) +
  labs(title = "Análisis de Componentes Principales 1 y 2",
       x = "Componente Principal 1",
       y = "Componente Principal 2") +
  theme_minimal() +
  theme(legend.position = "top")
```



Vemos que, en el caso del grupo MSS, se ve mucho más representada por la componente principal 2, mientras que el grupo PD se ve mucho más representado por la componente principal 1. Aun así, debemos tener en cuenta que cada componente principal representa cierta cantidad de la variabilidad de los datos.

Para determinar que grado de variabilidad se representacon cada PCA, reuniremos los datos en un nuevo dataframe. Como ya calculamos los CP anteriormente, obtendremos primero las varianzas de cada componente (`variances`), así como la proporción de varianza explicada.

```
# Ver la proporción de varianza explicada
variances <- pca_result$sdev^2  # Varianzas de cada componente
explained_variance <- variances / sum(variances)*100  # Proporción de varianza explicada

# Crear un dataframe para visualización
pca_summary <- data.frame(
  Component = paste0("PC", 1:length(explained_variance)),
  Variance = explained_variance
)
```

En el data frame creado, tenemos una columna con el nombre de las PC y con su varianza, pero no tenemos el formato correcto, así que modificaremos el resultado para que se vea en base a 100 y no en notación científica. Además, no tenemos la varianza acumulada, por lo que crearemos la columna `CumulativeVariance`. Recordemos que, las CP se ordenan automáticamente por orden descendente en función de la variabilidad explicada, por lo que las primeras CP representarán gran parte de la variabilidad.

```
#Modificamos el formato de los datos de Variance, así como la nueva columna acumulada.
pca_summary$Variance<-format(pca_summary$Variance, nsmall = 4, scientific = FALSE)
pca_summary$Variance <- round(as.numeric(pca_summary$Variance), 4) #Redondeamos a 4 decimales
```

```r
pca_summary$CumulativeVariance <- cumsum(pca_summary$Variance) #Creamos la varianza acumulada

# Mostrar la proporción de varianza explicada
print(pca_summary)
```

```
##    Component Variance CumulativeVariance
## 1        PC1  55.3523            55.3523
## 2        PC2  13.1338            68.4861
## 3        PC3  11.1844            79.6705
## 4        PC4   8.0892            87.7597
## 5        PC5   6.2449            94.0046
## 6        PC6   2.0335            96.0381
## 7        PC7   1.2689            97.3070
## 8        PC8   0.9991            98.3061
## 9        PC9   0.9420            99.2481
## 10      PC10   0.4833            99.7314
## 11      PC11   0.2686           100.0000
## 12      PC12   0.0000           100.0000
```

Vemos, entonces, que las dos componentes principales contienen el 68.4861% de la variablidad total. Esta variablidad es importante, y usar únicamente 2 CP podría simplificar el análisis. Aún así, usaremos 3 Compontentes Principales, que contendrán el 79.6705% de la variablidad total.

De todos modos, aún conociendo la variabilidad asociada a los CP, desconocemos que fosfopéptidos influyen más en cada CP. En `rotation`de PCA, podemos ver que carga supone sobre las CP (nos centraremos en las 3 primeras, pero por separado). Primero, tendremos que cargar el paquete `tibble`.

```r
library(tibble)
```

Después, obtendremos los resultados en `cargas` y crearemos un data frame con los datos de las CP1, CP2 y CP3.

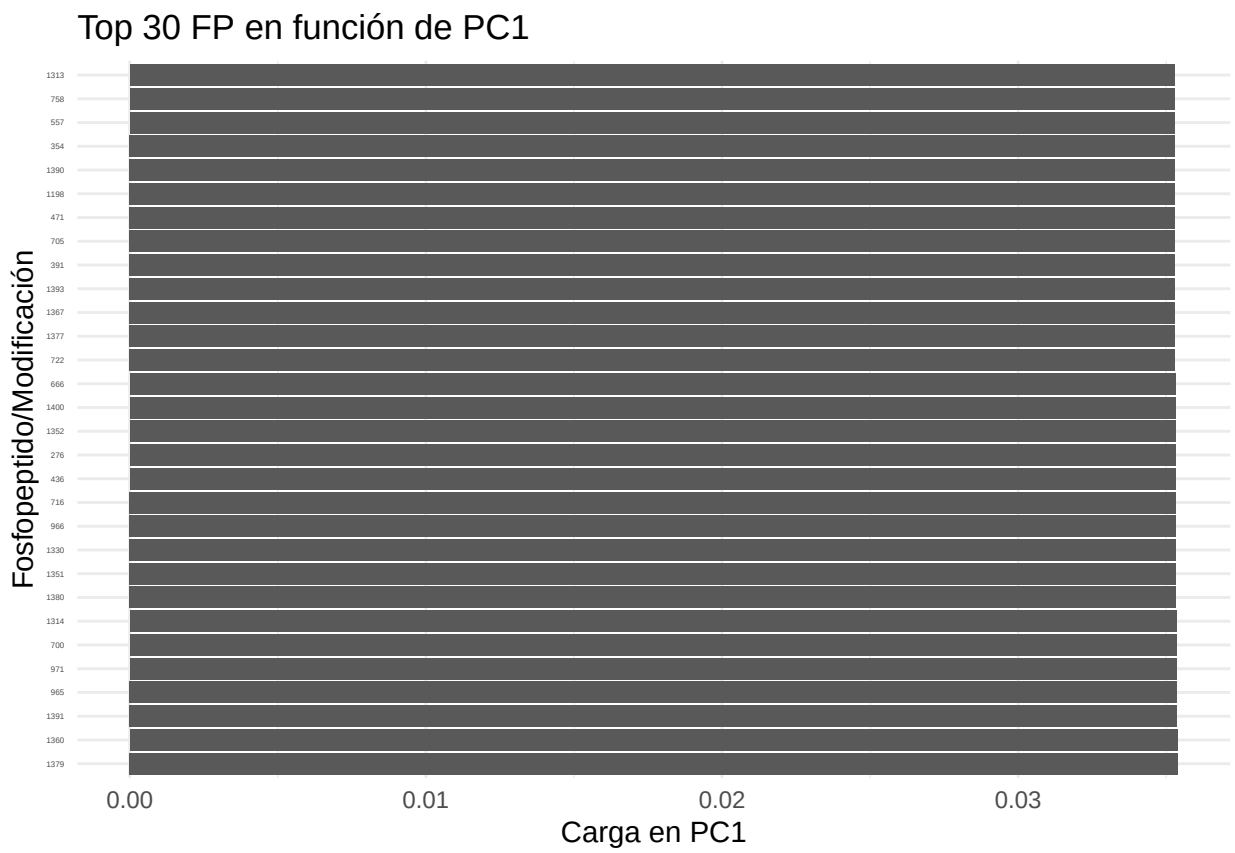
```r
cargas <- pca_result$rotation
cargas_df <- as.data.frame(cargas[, c("PC1", "PC2","PC3")])
cargas_df <- cargas_df %>%
  rownames_to_column(var = "Fosfopeptido")
```

Posteriormente, seguiremos un proceso en que extraeremos los 30 valores con cargas más alta, reordenando por cada CP (en cada CP habrá diferentes fosfopéptidos que afecten con mayor intensidad).

```r
top_cargas_pc1 <- cargas_df %>%
  arrange(desc(PC1)) %>%
  head(30)
top_cargas_pc1$Fosfopeptido <- factor(top_cargas_pc1$Fosfopeptido,
                                      levels = top_cargas_pc1$Fosfopeptido)
```

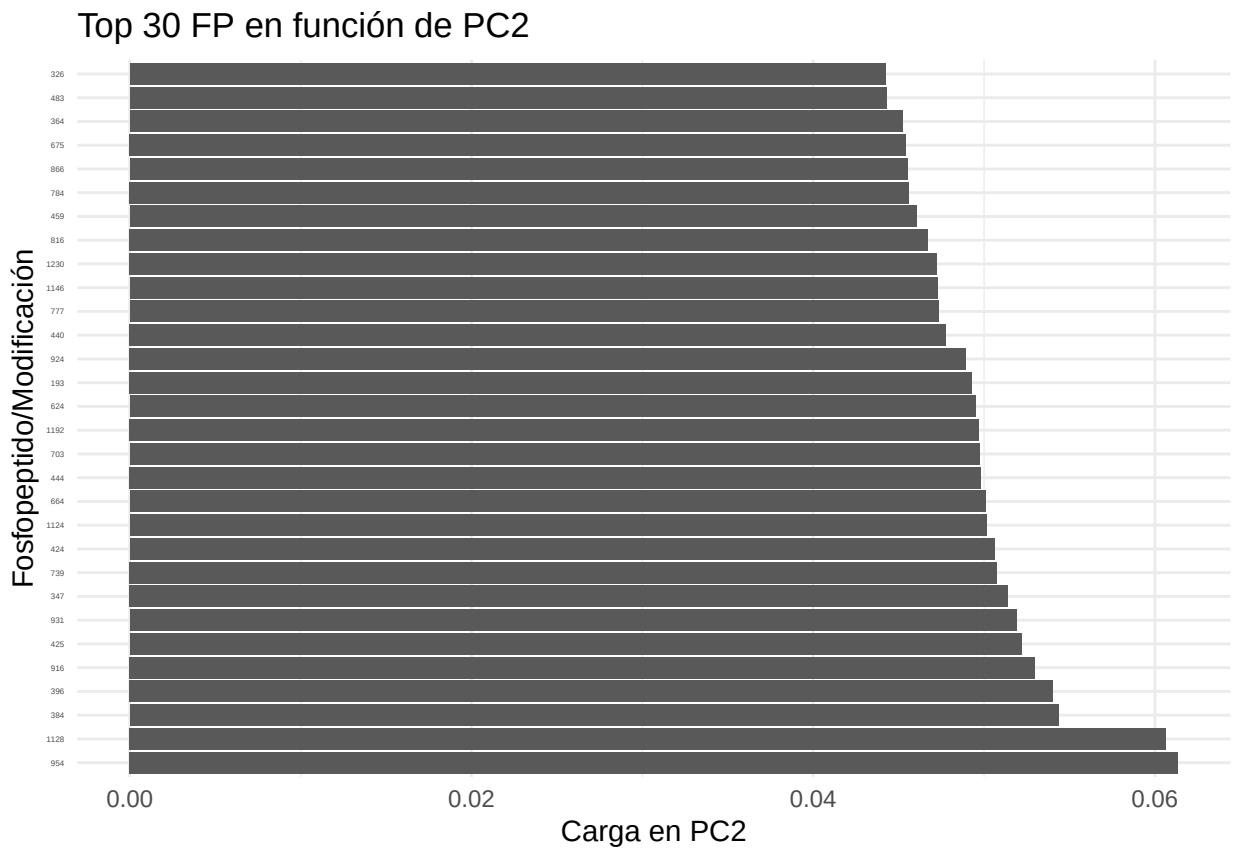
Finalmente crearemos un gráfico de barras en que veamos como afectan cada uno de esos 30 resultados a la componente principal 1. Tendremos, en orden descendiente, los 30 fosfopéptidos que más influyen en esta CP,

```r
ggplot(top_cargas_pc1, aes(x = Fosfopeptido, y = PC1)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  coord_flip() +
  labs(title = "Top 30 FP en función de PC1",
       x = "Fosfopeptido/Modificación", y = "Carga en PC1") +
  theme_minimal() +
  theme(axis.text.y = element_text(size = 3, angle = 0, hjust = 1))  # Tamaño y ángulo
```



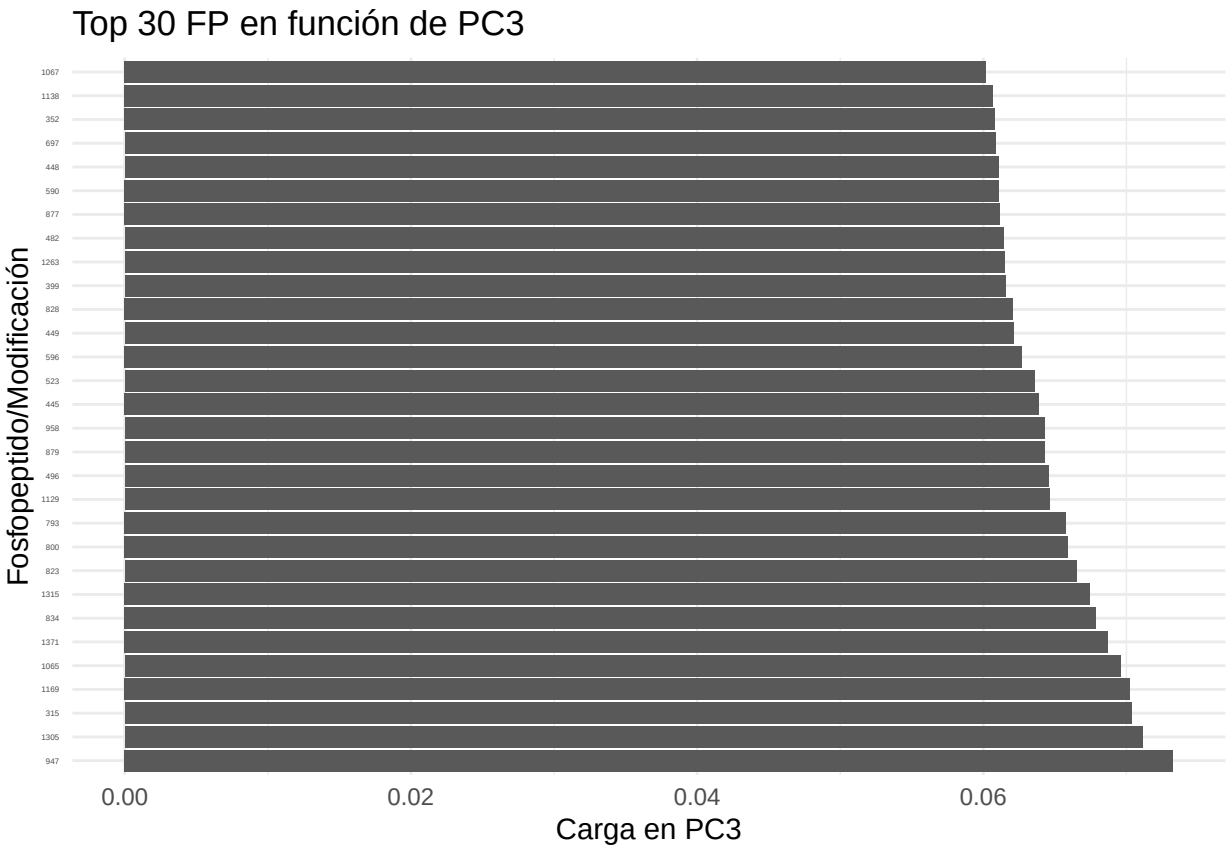
Realizaremos el mismo proceso para CP2:

```r
#Reordenamos los datos en función de CP2
top_cargas_pc2 <- cargas_df %>%
  arrange(desc(PC2)) %>%
  head(30)
top_cargas_pc2$Fosfopeptido <- factor(top_cargas_pc2$Fosfopeptido,
                                      levels = top_cargas_pc2$Fosfopeptido)

#Creación del gráfico
ggplot(top_cargas_pc2, aes(x = Fosfopeptido, y = PC2)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  coord_flip() +
  labs(title = "Top 30 FP en función de PC2",
       x = "Fosfopeptido/Modificación", y = "Carga en PC2") +
  theme_minimal() + # Tamaño y ángulo
  theme(axis.text.y = element_text(size = 3, angle = 0, hjust = 1))
```



Repetiremos el proceso de reordenado y graficamos para PC3:

```
#Reordenamos los datos en función de CP3
top_cargas_pc3 <- cargas_df %>%
  arrange(desc(PC3)) %>%
  head(30)
top_cargas_pc3$Fosfopeptido <- factor(top_cargas_pc3$Fosfopeptido,
                                      levels = top_cargas_pc3$Fosfopeptido)

#Creación del gráfico
ggplot(top_cargas_pc3, aes(x = Fosfopeptido, y = PC3)) +
  geom_bar(stat = "identity") +
  coord_flip() +
  labs(title = "Top 30 FP en función de PC3",
       x = "Fosfopeptido/Modificación", y = "Carga en PC3") +
  theme_minimal() + # Tamaño y ángulo de las etiquetas
  theme(axis.text.y = element_text(size = 3, angle = 0, hjust = 1))
```



Como podemos ver, cada fosfopéptido tiene una influencia diferente en cada CP, aunque en la CP1 los 50 primeros parece que todos tienen una carga similar. Tal y como se predecía, los fosfopéptidos no tiene la misma carga para todos los CP, por lo que visualmente no podemos determinar que FP es realmente significativo para diferenciar entre los dos tipos tumorales.

3.4 Análisis ANOVA de los fosfopéptidos

Para continuar con el análisis, realizaremos un ANOVA de un factor para ver si hay diferencias significativas en las abundancias de fosfopéptidos entre los grupos. Como los datos están estructurados con las variables (fosfopéptidos) en las filas y los grupos (MSS o PD) en las columnas, tendremos que transponer los datos de las abundancias.

```
grupos <- colData(se)$Group

#Para tener las lecturas en horizontal y los fosfopéptidos en vertical
abundancias_df <- as.data.frame(t(abundance_data))
abundancias_df$grupo <- grupos
```

Además, debemos tener en cuenta que no podemos aplicar un ANOVA a cada fosfopéptido independientemente, por lo que usaremos sapply para repetir el proceso en todas las columnas (ahora la variable fosfopéptido) y guardaremos el resultado en anova_results.

```
# Función para aplicar ANOVA en cada fosfopéptido
anova_results <- apply(abundancias_df[, -ncol(abundancias_df)], 2, function(y) {
  aov_result <- aov(y ~ abundancias_df$grupo)
```

```
  summary(aov_result)[[1]]$`Pr(>F)`[1]  # Extrae el valor p
})
```

Finalmente, crearemos un data frame con los resultados, con los resultados del test ANOVA para los fofopéptidos y filtraremos solo aquellos que tengan un p-valor significativo con la función `subset()`. Finalmente, evaluaremos la estructura del data frame para estudiar los FP que han resultado significativos.

```
anova_results <- data.frame(Fosfopeptido = names(anova_results),
                            p_value = anova_results)

anova_results$p_adjusted <- p.adjust(anova_results$p_value, method = "fdr")
```

Después del test ANOVA vemos que, de los 1438 fosfopéptidos analizados, solo 104 muestran diferencias significativas (teniendo en cuenta el p_valor ajustado) entre los grupos MSS y PD. Estos fosfopéptidos podrían ser útiles para distinguir los dos subtipus tumorales, lo que sugiere que existen patrones de fosforilación asociados a las diferencias moleculares entre los grupos.

Para poder determinar patrones diferenciales, podríamos estudiar la posibilidad de patrones entre la fosforilación de Y o de S/T, información contenida en los metadatos (col(Data))

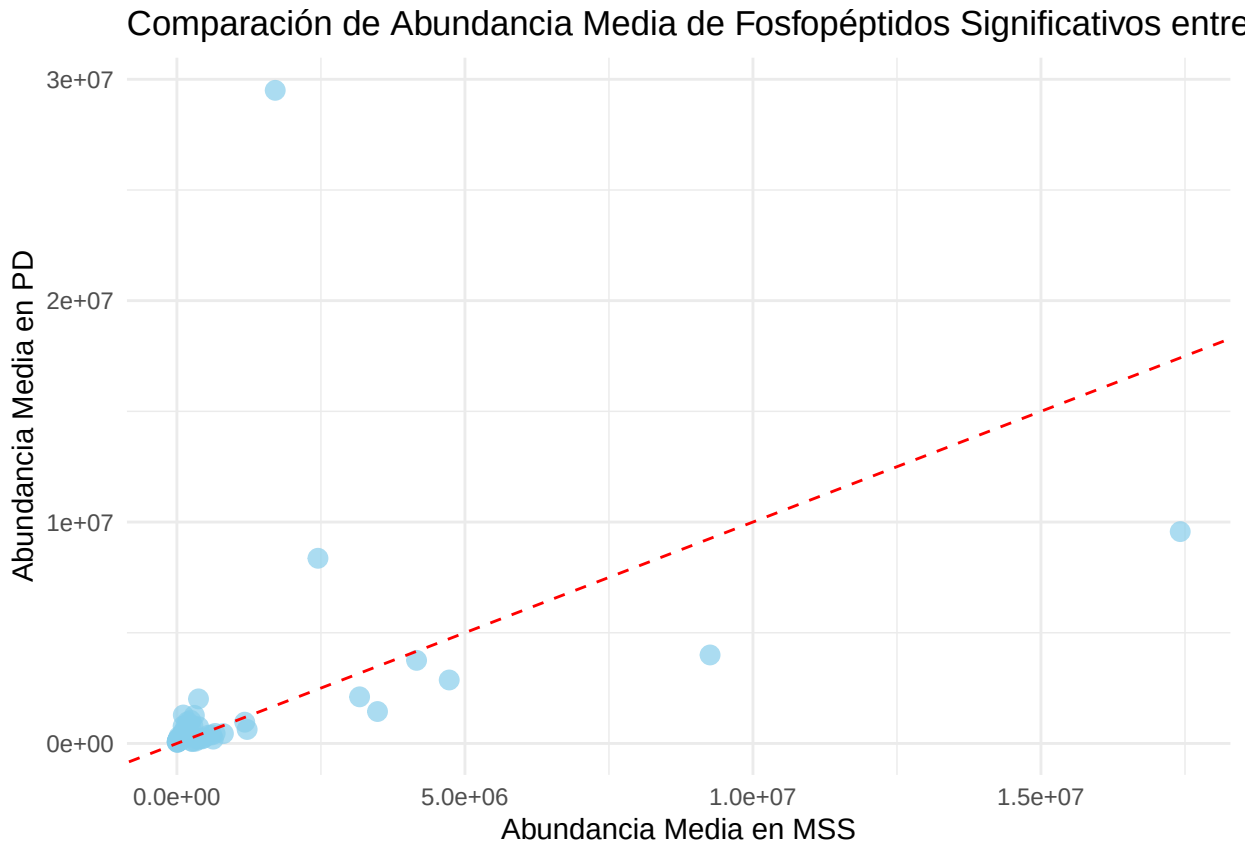
```
#Seleccionamos los índices que tienen un p-valor inferior a 0.05
signif_peptides <- which(anova_results$p_adjusted < 0.05)

#Obtenemos los datos y metadatos a partir de los índices seleccionados
signif_abundances <- assay(se, "counts")[signif_peptides, ]
signif_row_data <- rowData(se)[signif_peptides, ]

#Mostramos los 6 primeros resultados
print(head(signif_row_data$SequenceModifications))
```

```
## [1] "PYQYPALTPEQK[4] Phospho"        "AYTNFDAER[2] Phospho"
## [3] "LSLEGDHSTPPSAYGSVK[14] Phospho" "FAGDKGYLTK[7] Phospho"
## [5] "HKAPGSADYGFAPAAGR[9] Phospho"   "NSHTDNVSYEHSFNK[9] Phospho"
```

Ahora que hemos extraído tanto los datos como los metadatos, podemos volver a analizar la distribución, para observar diferencias entre

```
# Abundancias de fosfopéptidos significativos
signif_abundances <- assay(se, "counts")[signif_peptides, ]

# Coloca las medias de cada grupo en un data frame
group_means <- data.frame(
  MSS_mean = rowMeans(signif_abundances[, colData(se)$Group == "MSS"]),
  PD_mean = rowMeans(signif_abundances[, colData(se)$Group == "PD"])
)

# Calcula la diferencia en medias
group_means$difference <- group_means$MSS - group_means$PD

library(reshape2)
library(ggplot2)
```

```r
# Convierte las abundancias a formato largo
signif_abundances_long <- melt(signif_abundances)
colnames(signif_abundances_long) <- c("peptide_id", "Sample", "Abundance")

# Agrega información de grupo
signif_abundances_long$Group <- colData(se)$Group[signif_abundances_long$Sample]




sifnif_abundances <- t(scale(t(signif_abundances)))

# Calcula las medias de abundancia por grupo
group_means <- data.frame(
  MSS_mean = rowMeans(signif_abundances[, colData(se)$Group == "MSS"]),
  PD_mean = rowMeans(signif_abundances[, colData(se)$Group == "PD"])
)

# Carga ggplot2 para la visualización
library(ggplot2)

# Gráfico de dispersión de abundancias medias
ggplot(group_means, aes(x = MSS_mean, y = PD_mean)) +
  geom_point(color = "skyblue", size = 3, alpha = 0.7) +
  geom_abline(slope = 1, intercept = 0, linetype = "dashed", color = "red") +  # Línea de identidad
  theme_minimal() +
  labs(
    title = "Comparación de Abundancia Media de Fosfopéptidos Significativos entre MSS y PD",
    x = "Abundancia Media en MSS",
    y = "Abundancia Media en PD"
  )
```



Para asegurar la validez de los resultados, se podrían realizar análisis de validación cruzada o validar lo hallazgos utilizando un conjunto de datos independiente. Esto permitiría confirmar que los fosfopéptidos identificados son consistentes y reproducibles en otros conjuntos de datos o experimentos.

Toda la documentación se ha recopilado en el siguiente repositorio de github: *https://github.com/dcamacmon/Camacho-Monta-o-Daniel-PEC1*