# Protocolo de análisis de datos genéticos en Shiny

Antonio Rodríguez Gómez

Supervisado por Mercè Farré

Universidad Autonoma de Barcelona

Septiembre 13, 2018

#### Caso de estudio

- Definir el problema
- Se diseña un experimento con el objetivo de. . .

## Estructura del proyecto

 $\mathsf{Problema} \to \mathsf{Protocolo} \to \mathsf{Aplicaci\'{o}n} \to \mathsf{Conclusiones}$ 

# Datos de expresión genética

- Presentar la obtención de los datos
- Los datos son...
- La medida es..

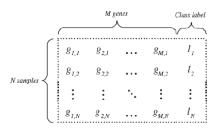


Figure 1: Matriz de los datos

### Protocolo de análisis

### Objetivos del análisis

- Detectar genes que se expressan...
- 2 Buscar diferencias entre tratamientos..
- 3 Patrones...

#### Protocolo de análisis

#### Hipotesis planteadas

- I En algun gen (y cuál o cuales) hay diferencias significativas entre los niveles de expresión entre tatamientos?
- Entre cúales tratamientos (parejas) hay diferencias significativas?

En algun gen (y cuál o cuales) hay diferencias significativas entre los niveles de expresión entre tatamientos?

- ANOVA para comparar medias entre grupos/tratamientos.
- Cada gen es una variable. (Expresión del gen)
- Diseño balanceado y normalidad en los datos.
- Ejemplo: En una muestra de 26 individuos, hacemos un experimento con 4 tratamientos. Si aplicamos ANOVA para el gen TFF3:

Gen	$F_{k-1,N-k}$	P-valor
TFF3	5.29	0.005

Suponemos que tenemos 20 genes, aplicamos el ANOVA para cada gen y listo? En algun gen (y cuál o cuales) hay diferencias significativas entre los niveles de expresión entre tatamientos?

 Cuando realizamos un test podemos cometer el error de rechazar la hipotesis nula cuando realmente es cierta. (Error de tipo I)

#### Cálculo de probabilidades

- Si  $H_0$  es cierta:  $P(FP) = \alpha$  y  $P(VP) = 1 \alpha$
- $P(Almenos un FP en m tests) = 1 (1 \alpha)^m$
- Para m = 1,  $P(Almenos...) = 1 (1 0.05)^1 = 0.05$
- Para m = 50, P(Almenos...) =  $1 (1 0.05)^{50} = 0.92$

Entre cúales tratamientos (parejas) hay diferencias significativas?

Tukey