

TREBALL DE FINAL DE GRAU

**Protocol d'anàlisi per a dades d'expressió gènica amb
Shiny**

Grau d'Estadística Aplicada

AUTOR: Antonio Rodríguez Gómez

SUPERVISOR: Mercè Farré

19 de juliol de 2018

Abstract (versió en català)

L'anàlisi de dades d'expressió genètica és un dels grans reptes estadístics per a detectar expressions diferencials entre gens sota una condició donada. La idea principal d'aquest treball, és la creació d'un protocol d'anàlisi interactiu de matrius d'expressió genètica. Es presenten mètodes estadístics com l'anàlisi de la variància (ANOVA). Mètodes de correcció per multiplicitat de contrastos també queden descrits. S'utilitzen mètodes gràfics com els mapes de calor. Tot aquest protocol d'anàlisi s'implementa en una aplicació web desenvolupada amb Shiny.

Abstract (versión en castellano)

El análisis de datos de expresión genética es uno de los grandes retos estadísticos para detectar expresiones diferenciales entre genes mediante una condición establecida. La idea principal de este trabajo, es la creación de un protocolo de análisis interactivo de matrices de expresión genética. Se presentan métodos estadísticos como el análisis de la varianza (ANOVA). Métodos de corrección por multiplicidad de contrastes también quedan descritos. Se utilizan métodos gráficos como los mapas de calor. Todo este protocolo de análisis se implementa en una aplicación web desarrollada con Shiny.

Abstract (English version)

Data gene expression analysis is one of the major statistical challenges to detect differential expressions between genes under a given condition. The main idea is the creation of an interactive analysis protocol of gene expression matrix. Methods are presented for detecting differential expression using statistical hypothesis testing methods including analysis of variance (ANOVA). Methods for multiple testing correction and their application are described. Graphical methods such as heatmaps are used. This analysis protocol is implemented in a web application developed in Shiny.

Índex

1	Introducció	4
1.1	Introducció als conceptes bàsics de la bioinformàtica	4
1.2	Cas d'estudi: Protocol d'anàlisi d'un OpenArray	4
2	Protocol d'anàlisi	5
2.1	Anàlisi de la variància (ANOVA)	5
2.1.1	Anova per a dissenys desbalancejats	5
2.2	Correcció per multiplicitat de contrastos	6
2.2.1	False discovery Rate	6
2.3	Comparacions múltiples	7
2.3.1	Mètode de Tukey (<i>Honestly-significant-difference</i>)	7
2.4	Mètodes descriptius visuals	8
2.4.1	Heatmap	8
2.4.2	Components principals	9
3	Cas d'estudi: Resultats del protocol d'anàlisi	10
3.1	Resultats	10
3.1.1	Tractament de les dades	10
3.1.2	Anàlisi de la variància (ANOVA)	10
3.1.3	Correcció per multiplicitat de contrastos	10
3.1.4	Anàlisi de components principals	10
3.1.5	Heatmap anàlisi	10
3.2	Conclusions	10
4	TL3P: Aplicatiu Web amb el paquet Shiny de R	10
4.1	Introducció a Shiny	10
4.1.1	Estructura de l'aplicatiu	10
4.1.2	Gestió per mitjà de repositoris Github	10
4.2	Funcionalitats de l'aplicació	10
4.3	Desenvolupament i futures versions . . .	10
5	Bibliografia	10
A	Mètode de Ward: Exemple del mètode amb gens	11

1 Introducció

Un dels reptes més grans de la biologia actualment és analitzar els volums massius de dades creats, per exemple, en la seqüenciació de DNA. La gran evolució de les tècniques de recollida de dades biològiques ha fet que sigui necessari el desenvolupament de metodologies eficients a l'hora de tractar i analitzar les dades. La disciplina que recull aquestes metodologies s'anomena bioinformàtica.

La bioinformàtica és un àrea emergent interdisciplinària que s'ocupa de l'aplicació de l'informàtica a la recopilació, emmagatzematge, organització, anàlisi, manipulació, presentació y distribució d'informació relativa a les dades biològiques o mèdiques.

Aquest treball s'ha centrat en l'anàlisi de bases de dades d'expressió genètica a partir de diferents condicions experimentals. Al llarg del treball s'utilitzen tècniques per analitzar aquests tipus de dissenys on l'objectiu recau en veure quins gens s'expressen significativament sota condicions experimentals establertes.

Amb aquesta premissa, el treball també s'ha enfocat en crear un aplicatiu web capaç de fer un anàlisi estadístic de les matrius d'expressió genètica. L'aplicatiu ha sigut programat amb R, per mitjà del paquet Shiny. Aquest paquet és capaç d'implementar el codi R de manera interactiva. No només implementa el codi R, sinó també és capaç d'interactuar amb diferents llenguatges com html, css o java. Tot el conjunt de l'aplicació ha sigut organitzada i compartida per mitjà d'un repositori creat en la plataforma GitHub. D'aquesta manera el codi queda a disposició de qualsevol usuari que vulgui utilitzar-lo o consultar els mètodes empleats.

1.1 Introducció als conceptes bàsics de la bioinformàtica

Cada organisme es defineix pel seu material genètic, el genoma. La informació genètica la trobem emmagatzemada en una macromolècula anomenada DNA, que es troba al nucli de cada cèl·lula.

Un gen consisteix en un segment de DNA que conté el codi per a la producció d'una proteïna. Una única cadena d'ADN conté milers de gens, cadascun sintetitza una proteïna concreta. Per fer-nos a la idea, els humans tenim al voltant de 20.000 gens. La longitud i seqüència d'un gen determina la grandària i la forma de la proteïna que sintetitza i quina funció tindrà aquesta proteïna dins de l'organisme.

La dotació de gens que presenta una espècie, s'anomena genotip, i l'aparença externa d'un caràcter genètic, l'anomenem fenotip. L'expressió del genotip ve determinat, a més de per la càrrega genètica, per l'ambient i el comportament dels éssers vius. Si un gen no s'expressa en un individu, aquest tindrà el mateix fenotip que un individu que no presenti el gen. Però

com podem arribar a obtenir una mesura de l'expressió dels gens? Existeixen tècniques per quantificar-ho? La resposta és sí.

La mesura de l'expressió genètica generalment és dur a terme quantificant els nivells de producte del gen. Una tècnica molt utilitzada de mesura de l'expressió genètica que utilitza ARN missatger és la denominada transcripció inversa, seguida de la reacció en cadena quantitativa de la polimerasa (qPCR ¹). Una de les seves principals característiques és la seva sensibilitat, ja que només necessita una única molècula per iniciar el procés de replicació. A més, és molt robusta gràcies al fet que permet utilitzar diferents productes biològics, com cabells, teixits, mucoses, sang, etc. Aquesta tècnica és fonamental per l'anàlisi de dades d'expressió genètica, perquè per l'obtenció d'aquestes dades es requereix una quantitat suficientment gran de producte biològic que no sempre és de fàcil obtenció, per tant, és important disposar d'una tècnica que faciliti la seva replicació de forma controlada, robusta i eficient.

Centres de genòmica s'encarreguen de fer aquests processos i de retornar els resultats en matrius de dades on es recullen els nivells d'expressió per a cada gen. Per tant, és important fer un bon disseny experimental ja que aquests processos són costosos i requereixen de temps, a més del biaix estadístic que es pot generar.

1.2 Cas d'estudi: Protocol d'anàlisi d'un OpenArray

Des de la facultat de veterinària de l'Universitat Autònoma s'han dut a terme estudis experimentals sobre l'expressió dels gens animals en certes condicions experimentals. L'aplicatiu web ha sigut creat per donar suport estadístic al grup d'investigació de la UAB **Nombre del grupo**.

El cas d'estudi que el treball ha contemplat consisteix en un experiment amb animals, concretament, amb porcíns. Durant l'experiment s'administraven diferents tractaments/dietes als porcíns. D'aquesta manera es volia veure l'afectació d'alguns tractaments en la regulació intestinal i com afectava al creixement dels porcíns.

Les dades utilitzades en aquest treball han sigut proporcionades per **Nombre del grupo** per mitjà de la tecnologia OpenArray. El material biològic que s'ha utilitzat per l'obtenció de les dades, han sigut diferents tipus de teixits del intestí. Els gens van ser escollits amb criteris científics pels investigadors i tenen un significat concret dins del funcionament de la regulació intestinal.

Encara que l'aplicatiu web s'ha creat a partir d'aquest estudi, la idea ha sigut generalitzar el codi per poder utilitzar-ho amb altres dissenys experimentals.

¹Aquesta tècnica serveix per amplificar un fragment d'ADN i la seva utilitat rau en el fet que després de l'amplificació resulta molt més fàcil identificar material genètic amb una gran precisió.

2 Protocol d'anàlisi

En aquest apartat queden definits els mètodes estadístics utilitzats en el protocol d'anàlisi. Cada mètode ha sigut implementat en l'aplicatiu i més endavant es mostren els resultats del cas d'estudi.

2.1 Anàlisi de la variància (ANOVA)

L'anàlisi de la variància (ANOVA) és el mètode clàssic per comparar mitjanes entre grups dos grups o més. Suposem que tenim N observacions repartides en k grups i definim $n = \frac{N}{k}$. Llavors x_{ij} seria l'individu j corresponent al grup i . En aquest cas assumim que l'estudi és balancejat, és a dir, el nombre d'individus per grup és el mateix. Denotem \bar{x} com la mitjana de la mostra global, i \bar{x}_i com la mitjana del grup i . Les observacions es poden tornar a escriure com:

$$x_{ij} = \bar{x} + (\bar{x}_i - \bar{x}) + (x_{ij} - \bar{x}_i)$$

Això ens porta al següent model:

$$x_{ij} = \mu + \alpha_i + \epsilon_{ij}$$

on μ i α_i són la mitjana global i la mitjana del grup i respectivament. S'assumeix que el terme d'error ϵ_{ij} és iid i segueix una distribució normal

$$\epsilon_{ij} \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$$

La hipòtesi nul·la en un model ANOVA és que les mitjanes dels grups són iguals, és a dir:

$$\alpha_1 = \alpha_2 = \dots = \alpha_k$$

Si això és cert, el terme d'error per a la diferència de grups queda definit com:

$$\bar{x}_i - \mu \sim \mathcal{N}(0, \frac{\sigma^2}{n} = \bar{\sigma}^2)$$

Es pot mesurar la quantitat total de variabilitat entre observacions sumant els quadrats de les diferències entre cadascun \bar{x} i x_{ij} :

$$SST(\text{Suma de quadrats totals}) = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x})^2$$

La variabilitat total es pot desglossar en 2 termes:

1. La variabilitat entre grups:

$$SSG = \sum_{i=1}^k n_i (\bar{x}_i - \bar{x})^2$$

amb $k - 1$ graus de llibertat.

2. La variabilitat intra grups:

$$SSE = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_i)^2$$

amb $N - k$ graus de llibertat.

Per tant, podem escriure la suma de quadrats totals com:

$$SST = SSG + SSE$$

Si la variabilitat entre grups és gran en relació amb la variabilitat intra grups, llavors les dades suggereixen que les mitjanes de les poblacions són significativament diferents. Si no existeixen diferències, entre els grups, esperariem que les mitjanes quadràtiques

$$MSG = \frac{SSG}{(k - 1)}$$

$$MSE = \frac{SSE}{(N - k)}$$

siguin similars. El test estadístic ANOVA es defineix com la ràtio entre les dues mitjanes quadràtiques:

$$F = \frac{MSG}{MSE}$$

L'estadístic F segueix una distribució F de Snedecor amb $k - 1$ i $N - k$ graus de llibertat. Si la hipòtesi nul·la és certa, F seria proper a 1. D'altra banda, si la mitjana quadràtica entre grups MSG és gran, suposaria un valor gran de l'estadístic F. Bàsicament, l'ANOVA examina les dues fons de la variància total i mira quina part contribueix més. Per aquest motiu, s'anomena anàlisi de la variància encara que la intenció sigui comparar les mitjanes dels grups.

Hi ha una sèrie de supòsits que s'han de fer abans que s'apliqui l'ANOVA, la desviació en aquests supòsits portaran a resultats que poden ser enganyosos o inexactes. Aquests supòsits inclouen la independència, normalitat i variància constant dels errors. En algunes situacions, hi ha transformacions que poden ser utilitzades per evitar les violacions d'aquests supòsits, com ara la transformació logarítmica de les dades.

2.1.1 Anova per a dissenys desbalancejats

En procés...

2.2 Correcció per multiplicitat de contrastos

Un problema comú què ens podem trobar a qualsevol investigació és voler comparar més de 2 grups de dades per detectar possibles diferències entre ells. La utilització de models d'ANOVA ens pot permetre detectar diferències, a escala global, entre les mitjanes involucrades, però en moltes ocasions volem detectar les diferències entre grups concrets. Aquest cas només és possible mitjançant l'ús dels Procediments de Comparacions múltiples (PCM).

En aquest treball el nostre interès no és avaluar si un o dos gens concrets s'expressen d'una forma diferencial entre les condicions considerades. Volem veure això a un nivell global i respondre a una pregunta com: Quins gens s'expressen d'una manera diferent (diferencial si utilitzem la literatura biològica) en els grups/tractaments que considerem? L'objectiu és poder contestar aquesta pregunta de manera que puguem controlar les vegades que afirmem expressions diferencials quan realment no la tenen (Error de tipus I).

Si numerem els gens $i = 1, \dots, N$ llavors per a l' i -èssim gen estem considerant el següent contrast:

- H_0 : El gen i no té una expressió diferencial entre les condicions considerades.
- H_1 : El gen i té una expressió diferencial entre les condicions considerades.

Si plantegem aquest contrast per a cada gen, podem denotar com $G = 1, \dots, N$ el conjunt d'hipòtesis nul·les que estem avaluant. El número d'hipòtesis que avaluem és conegut a priori, ja que correspon al número de gens que volem avaluar. És important destacar que en els estudis d'investigació en intentar acceptar o rebutjar la hipòtesi nul·la (H_0) es poden cometre dos tipus d'errors:

- Error de tipus I: Rebutjar H_0 quan realment és certa.
- Error de tipus II: No rebutjar H_0 quan realment és falsa.

Imaginem que fem un test contrastant diferències entre mitjanes, i fixem un nivell de significació $\alpha = 0.05$, i sabem que la hipòtesi nul·la és certa; llavors l'error de tipus I serà exactament el nivell de significació α . Per tant, podem definir la probabilitat de tenir un fals positiu en un test, és a dir, rebutjar H_0 quan realment és certa:

$$P(\text{Fals positiu}) = \alpha$$

$$P(\text{No cometre l'error}) = 1 - \alpha$$

Per tant, si definim m tests d'hipòtesis podem definir la probabilitat d'almenys tenir 1 fals positiu com:

$$P(\text{No cometre l'error en } m \text{ tests}) = (1 - \alpha)^m$$

$$P(\text{Almenys 1 fals positiu en } m \text{ tests}) = 1 - (1 - \alpha)^m$$

Per exemple, si tenim 1 test, i fixem $\alpha = 0.05$, la probabilitat d'obtenir almenys 1 fals positiu és de:

$$P(\text{Almenys 1 fals positiu}) = 1 - (1 - 0.05) = 0.05$$

Si ara tenim 50 tests i calculem la mateixa probabilitat:

$$P(\text{Almenys 1 fals positiu}) = 1 - (1 - 0.05)^{50} = 0.92$$

Aquí recau el gran problema de la multiplicitat de contrastos, podem observar que si fem un test moltes vegades, hi ha una inflació en l'error de tipus I.

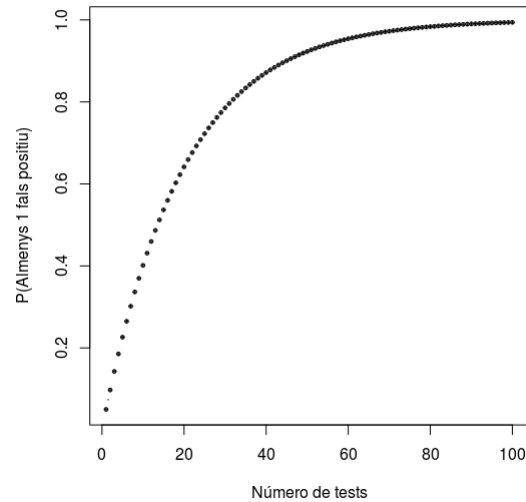


Figura 1: Gràfic contraposant el nombre de tests amb la probabilitat d'obtenir almenys 1 fals positiu. S'observa un increment en la probabilitat quan augmenta el nombre de tests.

En el nostre estudi es important tenir clar aquest problema, ja que si tenim molts gens, i no apliquem una correcció, podem caure en l'error d'afirmar que un gen s'expressa diferencialment quan realment no ho fa.

2.2.1 False discovery Rate

Existeixen molts mètodes per corregir el problema de la multiplicitat de contrastos. El més simple és el mètode de Bonferroni, on cada p valor es multiplica pel nombre de tests realitzats (acotant la probabilitat màxima a 1). És un mètode molt conservador i no és el més indicat per al nostre cas d'estudi. Per a escenaris de large-scale multiple testing com els estudis de genòmica, els quals es realitzen milers de test de forma simultània, el resultat d'aquests mètodes és massa conservador i impedeix que es detectin diferències reals. Una alternativa és controlar el false discovery rate.

El false discovery rate (FDR) es defineix com la proporció esperada de falsos positius d'entre tots els tests considerats com significatius. L'objectiu de controlar el false discovery rate es establir un límit de significació per a un conjunt de tests tal que, d'entre tots els tests considerats com significatius, la proporció d'hipòtesis nul·les (falsos positius) no superin un determinat valor. Un altre avantatge afegit és la seva fàcil interpretació,

per exemple, si un estudi publica resultats estadísticament significatius per a un FDR del 10%, el lector té la seguretat que, com a màxim, un 10% dels resultats considerats com a significatius són realment falsos positius.

La primera aproximació per controlar el FDR va ser descrita per Benjamini & Hochberg en 1995. D'acord amb la seva publicació si es desitja controlar que en un estudi amb n comparacions el FDR no superi un percentatge d hem de:

- Ordenar els n tests de menor a major p valor (p_1, p_2, \dots, p_n).
- Es defineix k com l'última posició per la qual es compleix que $p_i \leq d \frac{i}{n}$.
- Es consideren significatius tots els p valors fins a la posició k (p_1, p_2, \dots, p_k).

El mètode proposat per Benjamini & Hochberg assumeix a l'hora d'estimar el nombre d'hipòtesis nul·les erròniament considerades falses, que totes les hipòtesis nul·les són certes. Com a conseqüència, l'estimació del FDR està inflada i és un mètode conservador. Per poder veure l'afectació d'utilitzar un mètode com Bonferroni o utilitzar el mètode Benjamini & Hochberg, tenim la següent taula d'exemple:

	Pvalor	Bonferroni	Benjamini&Hochberg
1	0.0010	0.0550	0.0037
2	0.0020	0.11	0.0069
3	1	1	1
4	0.0010	0.0550	0.0037
5	0.0010	0.0550	0.0037
6	0.0010	0.0550	0.0037
7	0.25	1	0.3929
8	0.48	1	0.6286
9	0.09	1	0.1650
10	0.51	1	0.6523

Taula 1: A l'exemple de la taula hi ha una columna amb les p valors sense corregir, un altre amb la correcció de Bonferroni i per últim una amb la correcció proposada per Benjamini&Hochberg, per a un total de 55 p valors (Encara que només es mostren els 10 primers). Observem que Bonferroni és un mètode molt més conservador i cap p valor és significatiu. (Dels 55 p valors, 0 són significatius amb Bonferroni). En canvi, amb el mètode de Benjamini&Hochberg, observem que del total de p valors, hi ha 26 significatius. (En aquest cas hem fixat un $\alpha = 0.05$ i un $FDR = 0.05$)

A l'hora de decidir quin tipus de correcció aplicar, és important utilitzar un mètode adequat per tal d'obtenir resultats més acurats. En els estudis exploratoris és d'esperar que la proporció d'hipòtesis nul·les falses, és a dir, tests que són realment significatius, sigui alta. Per tant, mètodes que depenen del nombre de tests no són els més potents per aquest tipus d'estudis, com hem vist anteriorment.

2.3 Comparacions múltiples

Un cop realitzat l'anàlisi de la variància i si aquest confirma l'existència de diferències significatives entre els grups o tractaments, és convenient investigar quines mitjanes són diferents. El conjunt de tècniques que tracten aquest problema es denominen *contrastos per comparacions múltiples*.

2.3.1 Mètode de Tukey (*Honestly-significant-difference*)

Recordem que quan el nombre de possibles comparacions és elevat, per a un nivell de significació α donat, pot conduir a una inflació de l'error de tipus I, com també hem vist quan parlàvem de multiplicitat de contrastos. Per identificar quins tractaments són significativament diferents entre ells i corregir el problema de la inflació de l'error de tipus I, hem utilitzat el mètode de Tukey i les seves hipòtesis són:

$$H_0 : \mu_1 = \mu_2 = \dots = \mu_k$$

$$H_1 : \mu_1 \neq \mu_2 \neq \dots \neq \mu_k$$

Aquest contrast es basa en la distribució del rang estudentitzat, que es defineix a partir del nombre de grups a comparar i dels graus de llibertat de l'estimador de la variància. Aquests tipus de procediments, permeten superar les dificultats que hi ha quan augmentem el nombre de grups a comparar i no podem controlar els falsos positius. En general, són mètodes conservadors, es a dir, la probabilitat real de rebutjar la hipòtesi nul·la quan és certa és menor que el nivell de significació α fixat.

Per definir el rang estudentitzat, suposem que disposem de k observacions independents y_1, y_2, \dots, y_k d'una distribució Normal amb mitjana μ i variància σ^2 . Suposem també que disposem d'un estimador S^2 de σ^2 que té v graus de llibertat i és independent de les y_i . Definim R com el rang d'aquest conjunt d'observacions,

$$R = \max(y_i) - \min(y_i)$$

Sota aquestes condicions, es defineix el rang estudentitzat com el quocient,

$$\frac{\max(y_i) - \min(y_i)}{S} = \frac{R}{S}$$

que es denota com $q_{k,v}$. Aquest estadístic segueix una distribució que depèn dels paràmetres k i v , coneguda com la distribució del rang estudentitzat. L'estadístic de contrast que utilitza el test de Tukey, també segueix una distribució del rang estudentitzat. L'estadístic compara les mitjanes dels grups j i k , i ve donat per la següent equació:

$$HSD = q_{I,N-I}(\alpha) \sqrt{\frac{\hat{S}^2}{n}},$$

Mètode de Ward

Ward va proposar que la pèrdua d'informació que es produeix en integrar els diferents individus en clústers pot mesurar-se a través de la suma total dels quadrats de les desviacions entre cada punt (individu) i la mitjana del clúster en el qual s'integra. Perquè el procés de clusterització resulti òptim, en el sentit que els grups formats no distorsionin les dades originals, proposava la següent estratègia:

A cada pas de l'anàlisi, es considera la possibilitat de la unió de cada parell de grups i optar per la fusió d'aquells dos grups que menys incrementin la suma dels quadrats de les desviacions en unir-se.

Definim:

- x_{ij}^k com el valor de la j -èsima variable sobre l' i -èssim individu del k -èssim clúster, suposant que aquest clúster té n_k individus.
- m_j^k com el centroid del clúster k , amb components m_j^k
- E_k com la suma de quadrats dels errors del clúster k , és a dir, la distància euclídea al quadrat entre cada individu del cluster k al seu centroid:

$$E_k = \sum_{i=1}^{n_k} \sum_{j=1}^n (x_{ij}^k - m_j^k)^2$$

- E com la suma de quadrats dels errors per a tots els clústers, és a dir, si suposem h clústers:

$$E = \sum_{k=1}^h E_k$$

El procés comença amb m clústers, cada clúster només té un sol individu, per tant, cada individu coincideix amb el centre del clúster i en aquest primer pas $E_k = 0$, per a cada clúster i això fa que $E = 0$. L'objectiu del mètode de Ward és trobar en cada etapa aquells dos clústers els quals la seva unió proporcionin el menor increment en la suma total d'errors E . Suposem que els clústers C_p i C_q s'uneixen resultant un nou clúster C_t , llavors definim l'increment de E com,

$$\Delta E_{pq} = E_t - E_p - E_q$$

el procés es repeteix fins a l'obtenció del dendrograma i l'agrupació dels individus en els diferents clústers. Un exemple aclaridor d'aquest procés iteratiu, amb dades reals, es pot trobar a l'annex A.

Observació. El mètode de Ward és un dels més utilitzats en la pràctica; posseeix gairebé tots els avantatges del mètode de la mitjana i sol ser més discriminant en la determinació dels nivells d'agrupació. Una investigació duta a terme per Kuiper i Fisher va provar que aquest mètode era capaç d'encertar millor amb la classificació òptima que altres mètodes.

2.4.2 Components principals

En procés...

3 Cas d'estudi: Resultats del protocol d'anàlisi

3.1 Resultats

3.1.1 Tractament de les dades

3.1.2 Anàlisi de la variància (ANOVA)

3.1.3 Correcció per multiplicitat de contrastos

3.1.4 Anàlisi de components principals

3.1.5 Heatmap anàlisi

3.2 Conclusions

4 TL3P: Aplicatiu Web amb el paquet Shiny de R

4.1 Introducció a Shiny

4.1.1 Estructura de l'aplicatiu

4.1.2 Gestió per mitjà de repositoris Github

4.2 Funcionalitats de l'aplicació

4.3 Desenvolupament i futures versions

5 Bibliografia

A Mètode de Ward: Exemple del mètode amb gens

Observem com funciona aquest mètode en el cas de tenir 3 gens on es mesura l'expressió gènica per a 3 mostres. Les dades són les següents:

	X_1	X_2	X_3
Gen_1	1.02	0.21	6.29
Gen_2	10.06	8.19	7.29
Gen_3	10.11	14.63	7.62

Taula 2: Expressió gènica de cada gen Gen_i per a cada mostra X_j .

Recordem que per utilitzar aquest mètode necessitem la matriu de distàncies euclidianes. La distància euclidiana entre dos punts $P = (p_1, p_2, \dots, p_n)$ i $Q = (q_1, q_2, \dots, q_n)$ es defineix com:

$$d_E(P, Q) = \sqrt{(p_1 - q_1)^2 + (p_2 - q_2)^2 + \dots + (p_n - q_n)^2}$$

Per tant, obtenim aquesta matriu de distàncies:

	Gen_1	Gen_2	Gen_3
Gen_1	0	12.10	17.10
Gen_2	12.10	0	6.45
Gen_3	17.10	6.45	0

Taula 3: Matriu de distàncies. La distància utilitzada és l'euclidiana.

En aquest cas, com tenim només 3 gens, tenim un total de 3 combinacions possibles de 2 elements. Per tant, calcularem ΔE per a cada combinació i escollirem el més petit com el millor clúster.

Particions	Centroides	E_k	E	ΔE
$(Gen_1, Gen_2), Gen_3$	$C_{Gen_1, Gen_2} = (5.54, 4.19, 6.78)$	$E_{Gen_1, Gen_2} = 72.92$	$E_{Gen_3} = 0$	72.92
$(Gen_1, Gen_3), Gen_2$	$C_{Gen_1, Gen_3} = (7.06, 7.67, 7.06)$	$E_{Gen_1, Gen_3} = 112.42$	$E_{Gen_2} = 0$	112.42
$(Gen_2, Gen_3), Gen_1$	$C_{Gen_2, Gen_3} = (10.08, 11.41, 7.45)$	$E_{Gen_2, Gen_3} = 20.79$	$E_{Gen_1} = 0$	20.79

Taula 4: Taula resum dels càlculs proposats per obtenir l'increment de la suma de quadrats residuals. Les particions són possibles combinacions de 2 gens en un total de 3.

Podem observar que segons el criteri de Ward, escolliríem unificar el Gen_2 i el Gen_3 en un mateix clúster. Si fem el mateix però automàticament amb la funció `hclust`, obtenim el següent dendrograma:

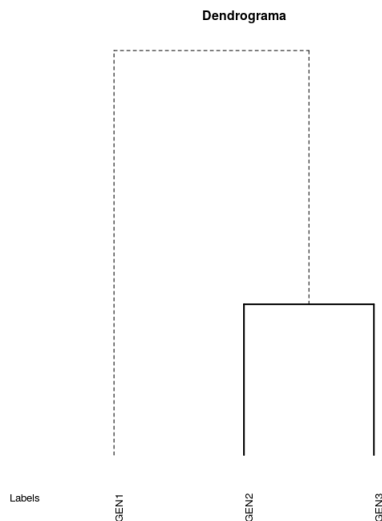


Figura 3: Dendrograma obtingut amb la funció `hclust`. Si apliquem directament la funció `hclust`, que utilitza el mètode de Ward, obtenim 2 clústers. El primer clúster amb el Gen_1 i un segon clúster amb el Gen_2 i el Gen_3 . Trobem els mateixos clústers amb el procediment manual que hem calculat anteriorment.