

Protocol d'Anàlisi de Dades d'Expressió Gènica amb Shiny

Antonio Rodríguez Gómez

10 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	5
2.2.1	False discovery Rate	6
2.3	Post hoc testing: Tukey	6
2.4	Anàlisi de components principals	6
2.5	Heatmap	6
3	Cas d'estudi: Resultats del protocol d'anàlisi	6
3.1	Resultats	6
3.1.1	Tractament de les dades	6
3.1.2	Anàlisi de la variància (ANOVA)	6
3.1.3	Correcció per multiplicitat de contrastos	6
3.1.4	Anàlisi de components principals	6
3.1.5	Heatmap anàlisi	6
3.2	Conclusions	6
4	TL3P: Aplicatiu Web amb el paquet Shiny de R	6
4.1	Introducció a Shiny	6
4.1.1	Estructura de l'aplicatiu	6
4.1.2	Gestió per mitjà de repositoris Github	6
4.2	Funcionalitats de l'aplicació	6
4.3	Desenvolupament i futures versions . . .	6
5	Bibliografia	6

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 i 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 porcs. Durant l'experiment s'administraven diferents tractaments/dietes als porcs. D'aquesta manera es volia veure l'afectació d'alguns tractaments en la regulació intestinal i com afectava al creixement dels porcs.

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 número 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 el 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, 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

When performing statistical tests, balanced designs are usually preferred for several reasons, including:

The test will have larger statistical power, The test statistic is less susceptible to small departures from the assumption of equal variances (homoscedasticity). However, for single factor ANOVA, a lack of balance doesn't usually affect the results (Milliken and Johnson, 1984).

2.2 Correcció per multiplicitat de contrastos

Un problema comú que ens podem trobar a qualsevol investigació és voler comparar més de 2 grups de dades per detectar possibles diferències entre ells. L'utilització de models d'ANOVA ens pot permetre detectar diferències, a nivell 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).

Quan volem fer un test estadístic, segons la conclusió que fem, podem recaure en 2 tipus de errors:

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

Se pretende una visión global. Pre-tendemos responder a una pregunta como: ¿qué genes se expresan de un modo distinto (o diferencial en la jerga habitual en esta literatura) en los dos grupos que consideramos? Tenemos miles de genes: ¿cuáles de ellos tienen realmente una expresión diferencial? Y, lo importante, pretendemos responder la pregunta de modo que controlemos, de algún modo, las veces que admitimos una expresión diferencial cuando no la tiene. ¿Qué contrastes de hipótesis estamos evaluando? Si numeramos los genes con $i = 1, \dots, N$ entonces para el i -ésimo gen estamos considerando el contraste de hipótesis siguiente: **LIMA LO EXPLICA**

2.2.1 False discovery Rate

2.3 Post hoc testing: Tukey

2.4 Anàlisi de components principals

2.5 Heatmap

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

An alternative method to create web-based teaching tool applications is provided by Shiny (Chang, Cheng, Allaire, Xie & McPherson, 2015), a recent technology created by RStudio. Shiny is a web application framework for R (R Core Team, 2015) that only requires knowledge in the R programming language. It is not uncommon for instructors to build their own teaching tools via scripts written in R and, as we will show, it is not difficult to convert existing R scripts into Shiny applications, known simply as 'Shiny apps'. With Shiny,

instructors can build a teaching tool that is interactive, dynamic, user-friendly, visually appealing, and, with similar functionality to Java/JavaScript applets; the only requirement is some familiarity in R.

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