

Datos armonizados

Comparaciones estadísticas

Elena Eyre Sánchez, PhD

2024-11-05

Contents

1	Introducción y Objetivo	1
2	Paquetes y datos	1
2.1	Metadata original	1
3	Comparación estadística	2
3.1	B cells	2
4	Macrófagos tipo 1	3
5	Macrófagos tipo 2	4
6	Monocitos	5
7	Neutrófilos	6
8	Células NK	7
9	Células T CD4	8
10	T cells CD8	9
11	T regs	10
12	Dendritic cells	11

1 Introducción y Objetivo

2 Paquetes y datos

2.1 Metadata original

Los datos a comparar son los datos armonizados de los resultados obtenidos de los análisis previos de deconvolución:

- GSE22155 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi>) con dos plataformas: GPL6102 y GPL6947.
- GSE35640 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE35640>)
- GSE50509 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE50509>)

- GSE61992 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE61992>)
- GSE54467 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE54467>)
- TCGA-SKCM (<https://portal.gdc.cancer.gov/projects/TCGA-SKCM>)

De manera excepcional, tenemos GSE120575 (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/query/acc.cgi?acc=GSE120575>), que consiste en un dataset scRNA-seq en el que han analizado muestras tumorales y controles.

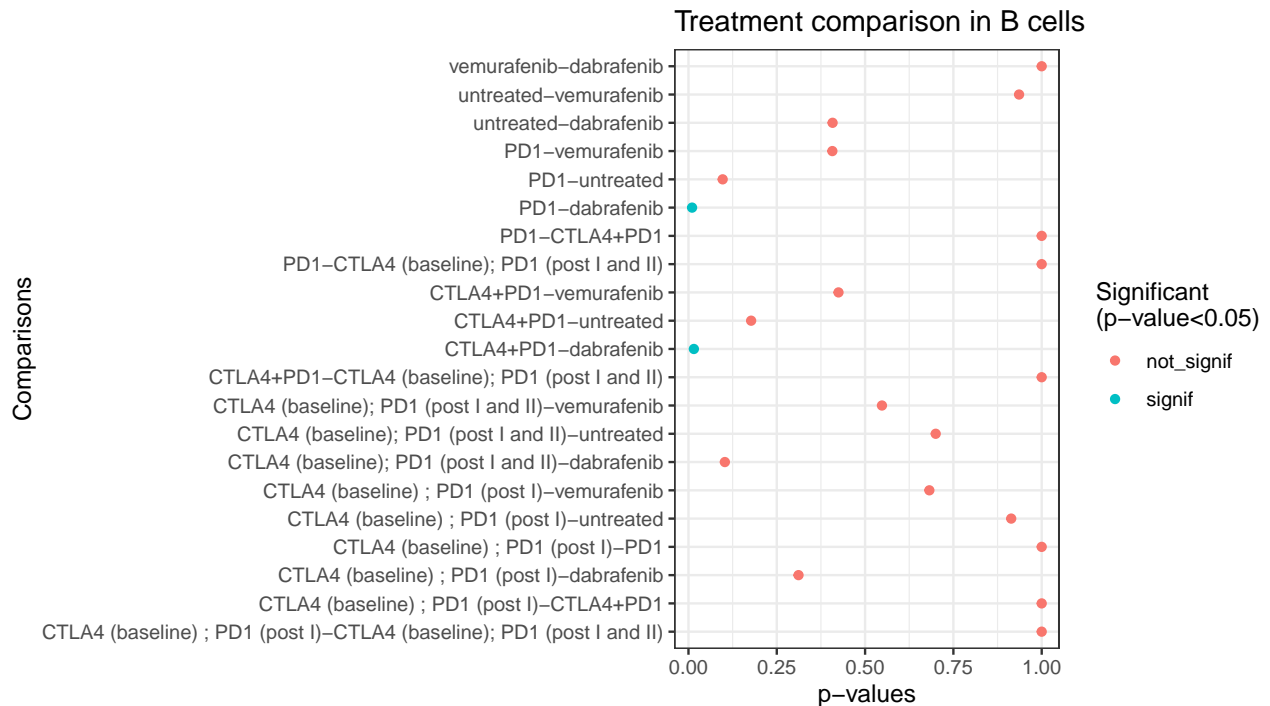
3 Comparación estadística

Para cada tipo celular, inicialmente realizo un análisis ANOVA comparando los valores de las fracciones celulares específicas con los tratamientos utilizados. Después realizo un post-test con el test Tukey para tener las comparaciones de tipo pair-wise.

3.1 B cells

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment      6 0.1096 0.018259   3.744 0.00124 **
## Residuals    385 1.8774 0.004876
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

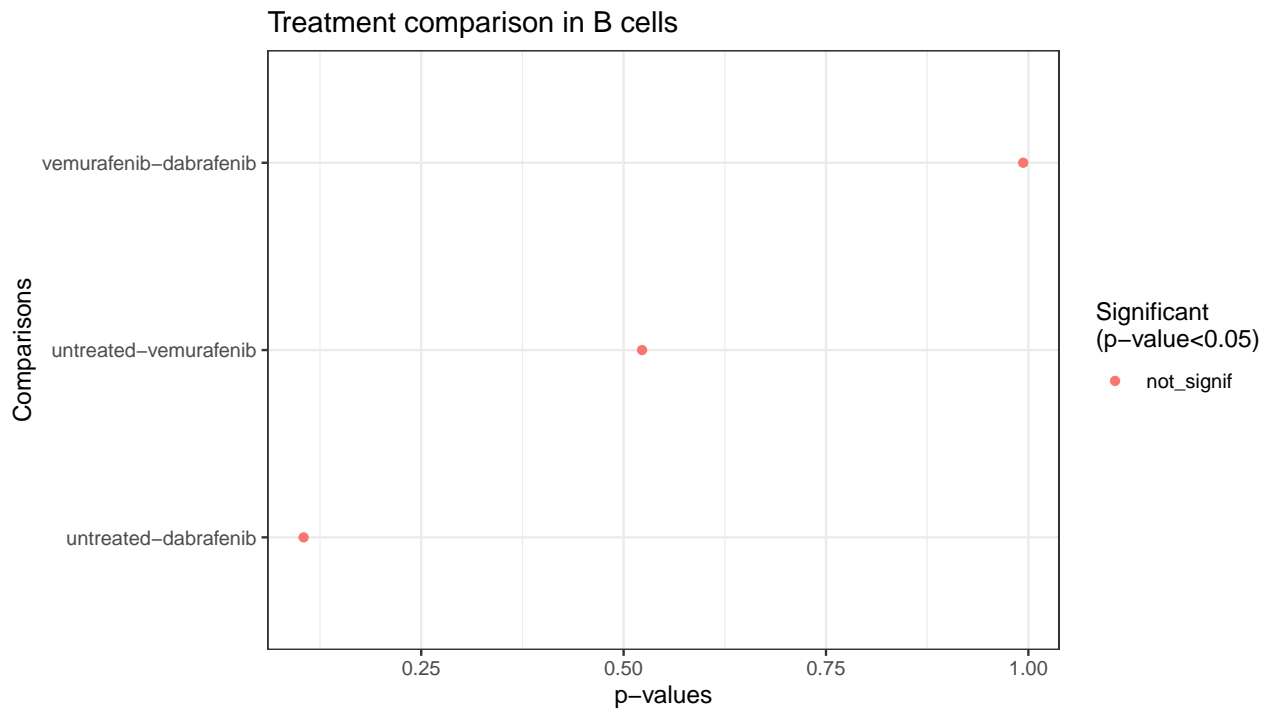
## Warning: Use of ``tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```



Si tengo en cuenta únicamente los estudios que han pasado por el análisis de deconvolución:

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment      2 0.0239 0.011960   2.525 0.0826 .
## Residuals    202 0.9568 0.004737
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

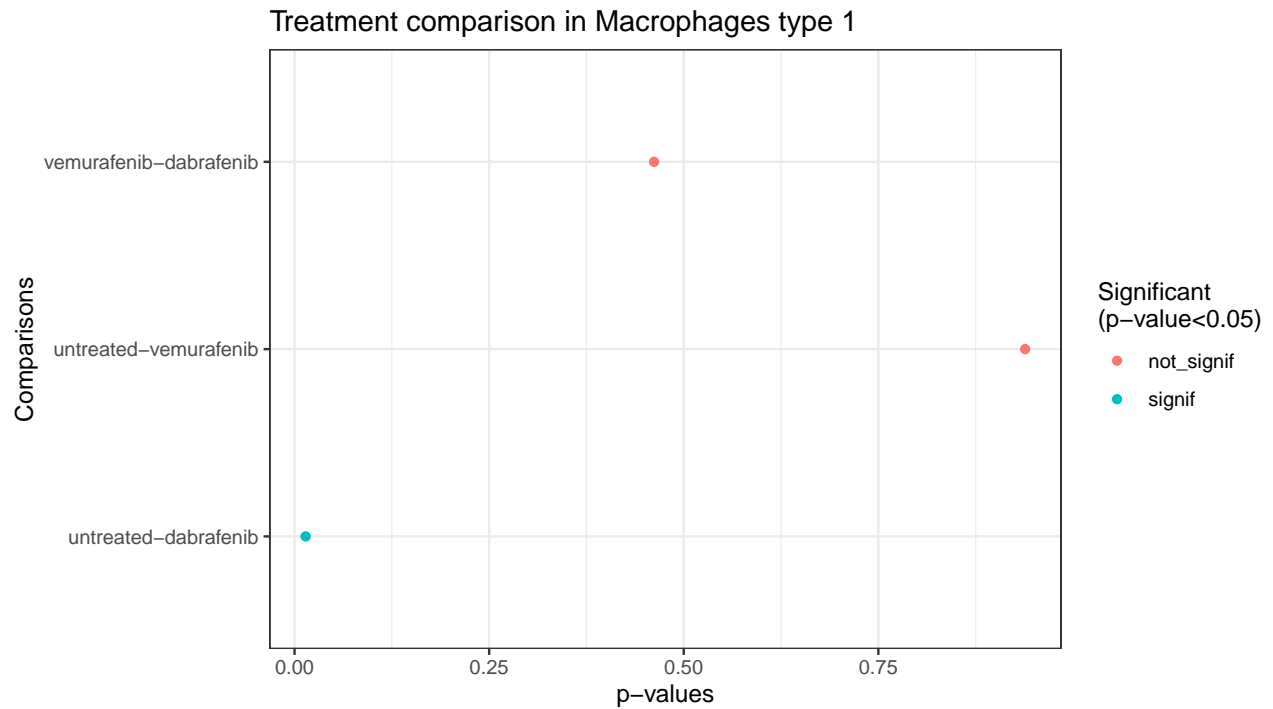


4 Macrófagos tipo 1

En este caso, debido a que el estudio scRNA-seq GSE120575 presenta los macrófagos junto con los monocitos, presento únicamente las comparaciones con los demás tratamientos.

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment    2 0.00336 0.0016823   4.003 0.0197 *
## Residuals 202 0.08488 0.0004202
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

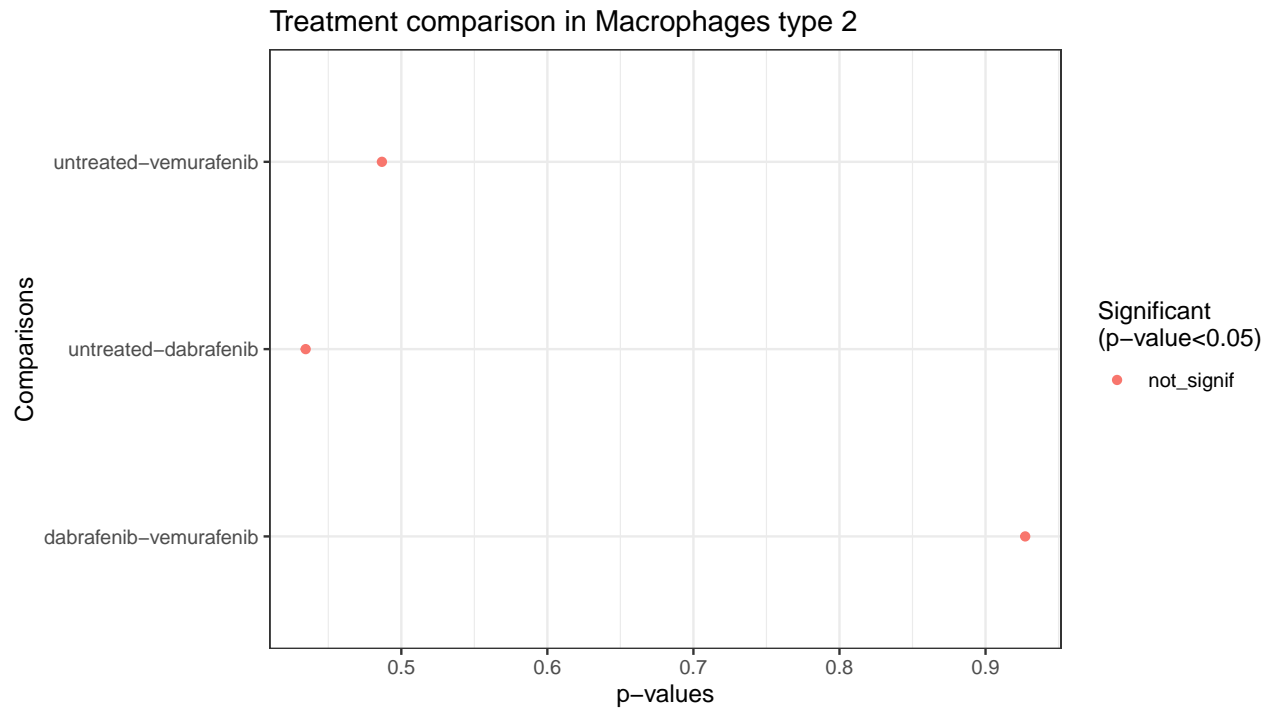


5 Macrófagos tipo 2

En este caso, debido a que el estudio scRNA-seq GSE120575 presenta los macrófagos junto con los monocitos, presento únicamente las comparaciones con los demás tratamientos.

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment    2  0.00129  0.0006431    1.32  0.269
## Residuals  202  0.09843  0.0004873

## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

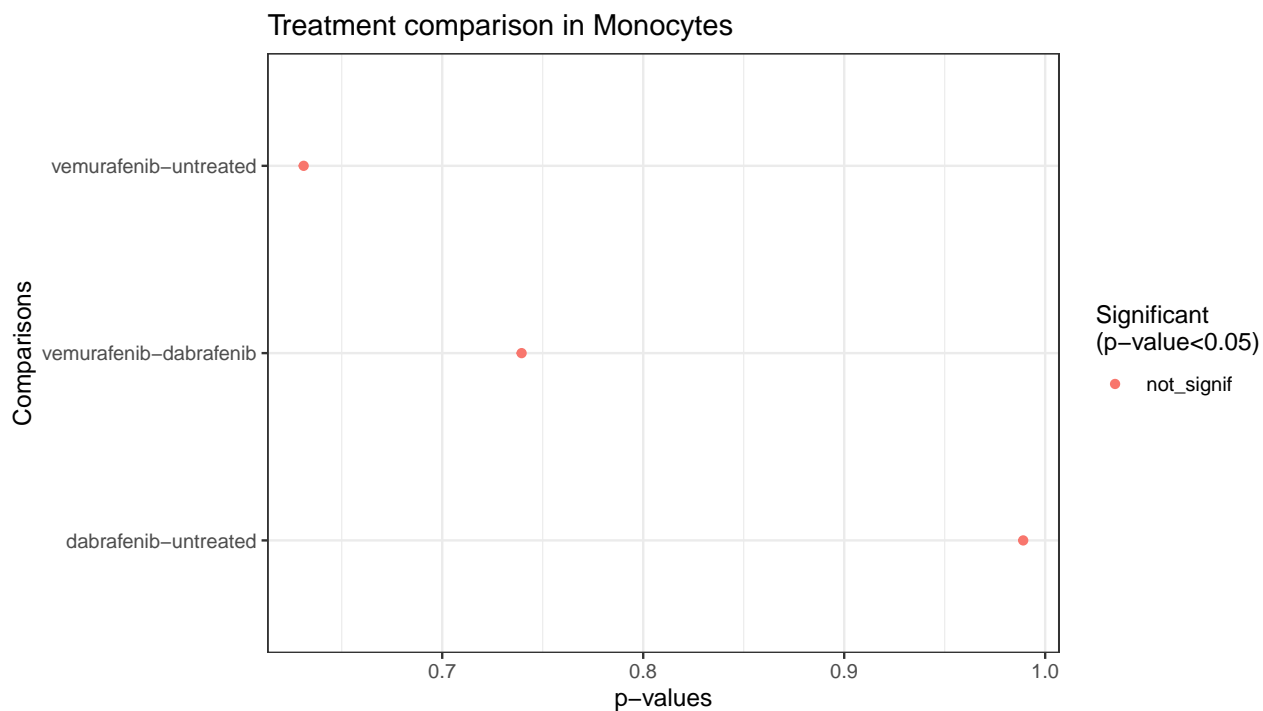


6 Monocitos

En este caso, debido a que el estudio scRNA-seq GSE120575 presenta los macrófagos junto con los monocitos, presento únicamente las comparaciones con los demás tratamientos.

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment    2 0.00075 0.0003744   0.422  0.656
## Residuals  202 0.17930 0.0008876

## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

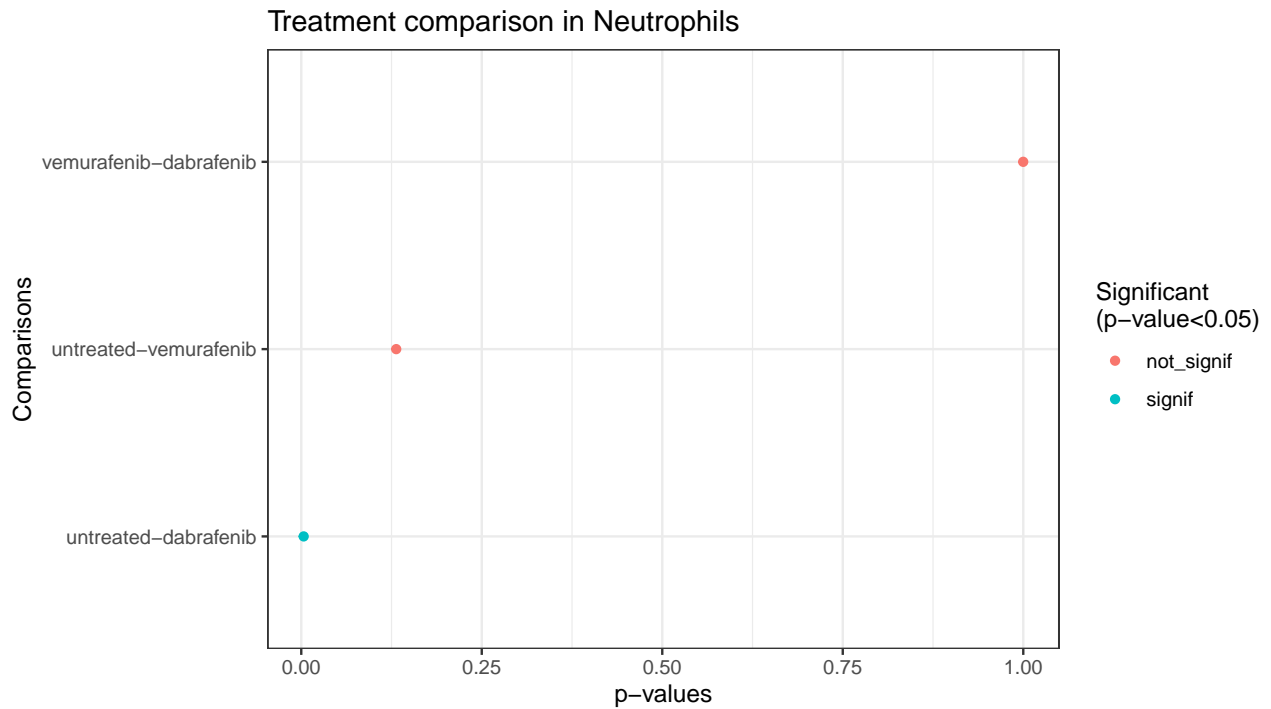


7 Neutrófilos

En este caso, debido a que el estudio scRNA-seq GSE120575 no presenta resultados específicos de neutrófilos, presento únicamente las comparaciones con los demás tratamientos.

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment    2  0.0216  0.010814    6.858  0.00131 **
## Residuals  202  0.3185  0.001577
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

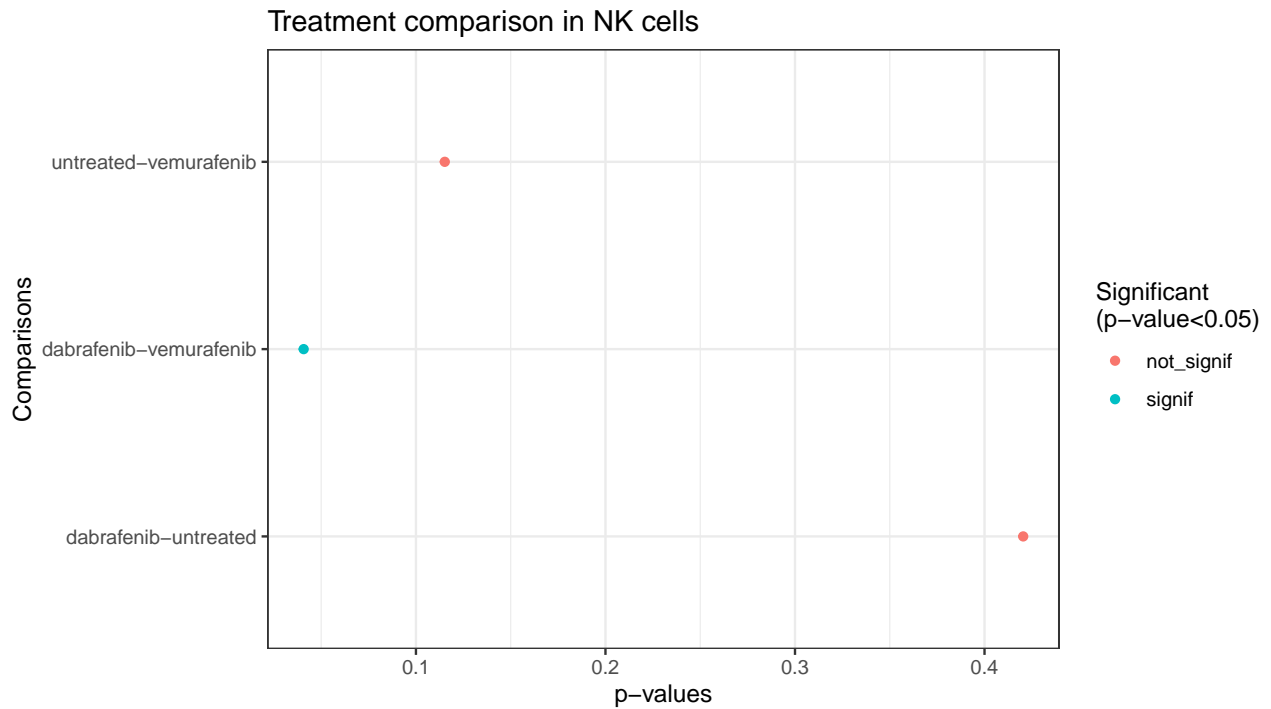


8 Células NK

En este caso, debido a que el estudio scRNA-seq GSE120575 no presenta resultados específicos de células NK, presento únicamente las comparaciones con los demás tratamientos.

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment    2 0.00126 0.0006298   2.994 0.0523 .
## Residuals  202 0.04249 0.0002103
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

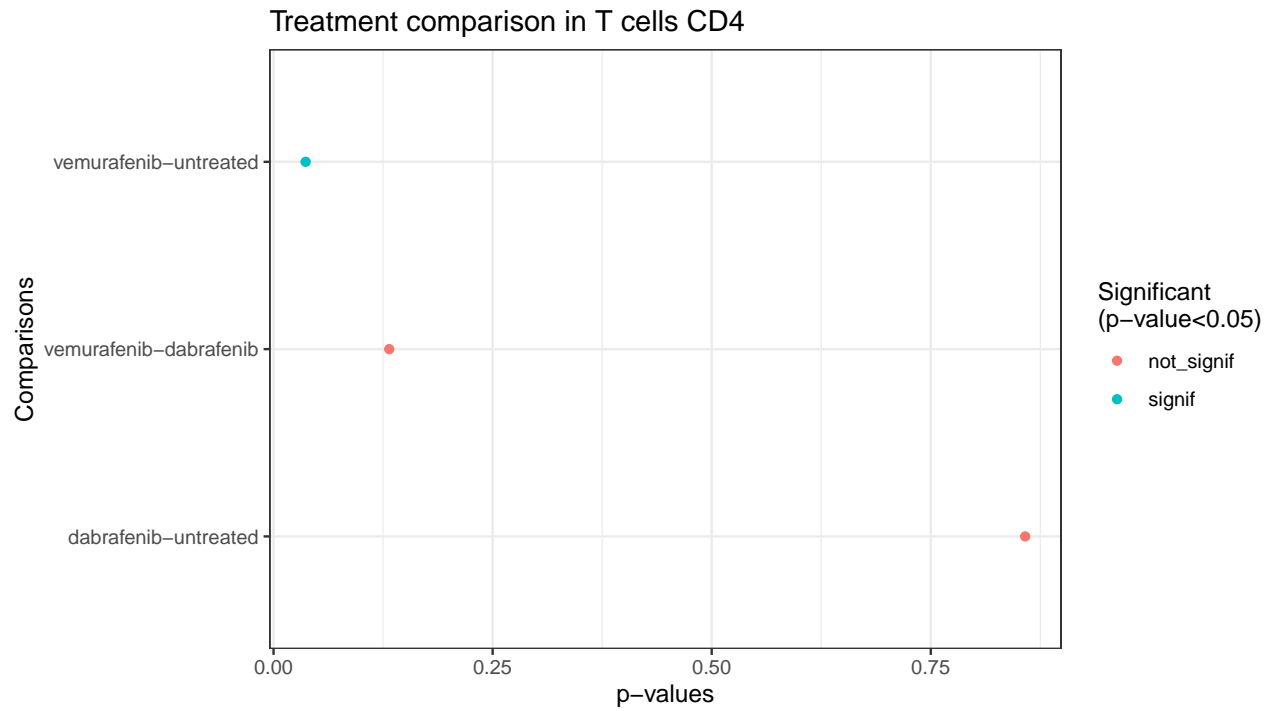


9 Células T CD4

En este caso, debido a que el estudio scRNA-seq GSE120575 no presenta resultados específicos de células T CD4, presento únicamente las comparaciones con los demás tratamientos.

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment    2  0.0571  0.028562   3.143  0.0453 *
## Residuals  202  1.8358  0.009088
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

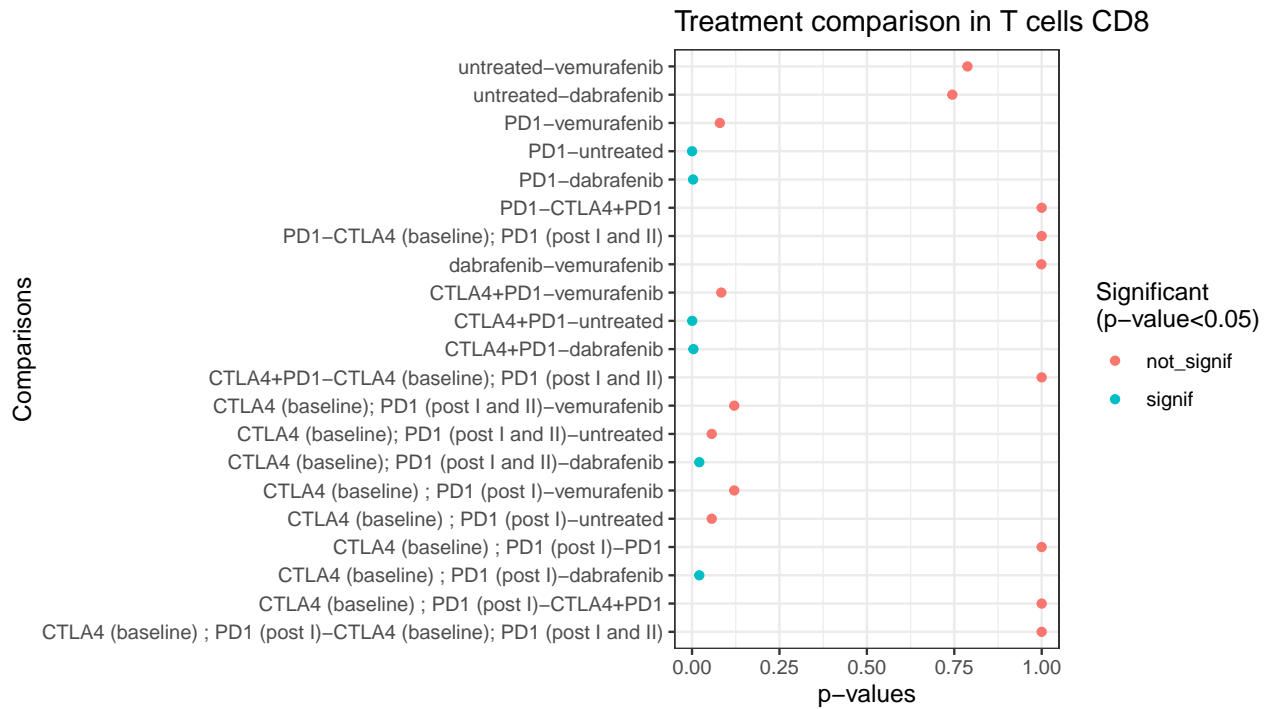
## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

10 T cells CD8

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
## treatment     6  0.202  0.03367    7.522 8.68e-08 ***
## Residuals  594  2.659  0.00448
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

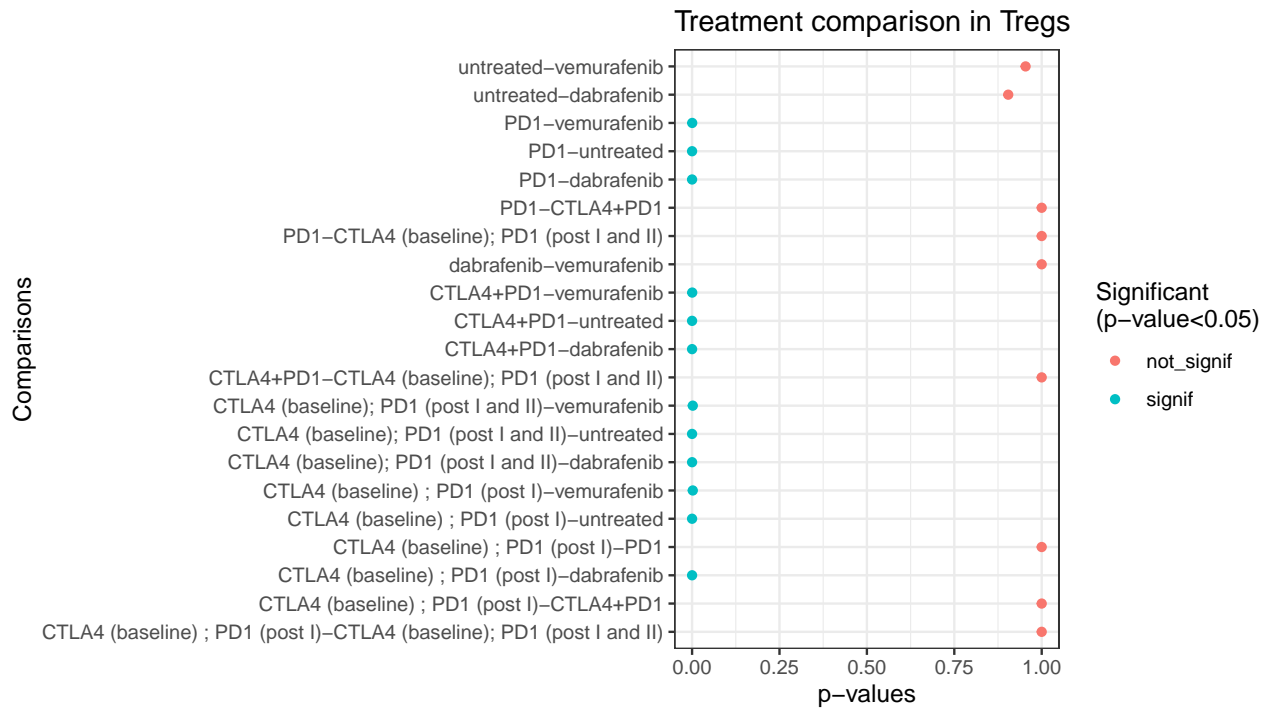
## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```



11 T regs

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment      6  0.3391  0.05652   28.09 <2e-16 ***
## Residuals    385  0.7747  0.00201
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```



12 Dendritic cells

```
##           Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
## treatment      6  0.3881  0.06468    34.42 <2e-16 ***
## Residuals    385  0.7234  0.00188
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

## Warning: Use of `` tk$`p adj` `` is discouraged.
## i Use `p adj` instead.
```

