**Informe PAC1**

**Montilla\_Escudero\_Efrain**

**Fechas: 6-11-2024**

**Pagina GitHub:**

[**https://github.com/emontilla/MONTILLA-Escudero-Efrain\_A\_PEC1**](https://github.com/emontilla/MONTILLA-Escudero-Efrain_A_PEC1)

**### Ruta de gestión en archivo**

setwd("C:/Users/ASUS/OneDrive/Escritorio/Maestria en Bioinformatica y Bioestadistica/6. Analisis de Datos Omicos/PAC1")

**### Con el paquete gert podemos obtener datos o clona e repositorios en Github**

if (!require("gert")) {

install.packages("gert")

library(gert)

}

**### Script para obtención de datos o repositorios**

git\_clone("https://github.com/nutrimetabolomics/metaboData.git",

path = "C:/Users/ASUS/OneDrive/Escritorio/Maestria en Bioinformatica y Bioestadistica/6. Analisis de Datos Omicos/PAC1")

**### Instalación de BiocManager para el uso de SummarizedExperiment**

if (!requireNamespace("BiocManager", quietly = TRUE))

install.packages("BiocManager")

BiocManager::install("SummarizedExperiment")

BiocManager::install("Biobase")

**### Configuración de SummarizedExperiment con los datos de 2018-MetabotypingPaper/DataValues\_S013.csv**

library(SummarizedExperiment)

**# Cargar como objeto archivo CSV con datos de expresión, demogragráfico antropomórfico y metabolomica**

data <- read.csv("C:/Users/ASUS/OneDrive/Escritorio/Maestria en Bioinformatica y Bioestadistica/6. Analisis de Datos Omicos/PAC1/Datasets/2018-MetabotypingPaper/DataValues\_S013.csv", row.names = 1)

**# Crear un objeto SummarizedExperiment**

**# Separar los datos en 'assay' y 'colData' según el formato de tu dataset**

assay\_data <- as.matrix(data[, -1]) # Matriz con datos de expresión, demogragráfico de medicación y metabolomica

sample\_info <- data.frame(sampleID = colnames(assay\_data)) # Información de muestras

**# Crear el contenedor SummarizedExperiment**

se <- SummarizedExperiment(assays = list(counts = assay\_data),

colData = sample\_info)

**# resumen de datos**

se

**# Se lista las variables y primeros datos**

head(assay(se))

**# Resumen de ensayo**

summary(assay(se))

**# Caracteristicas de las variables**

colData(se)

##################################################

**# Análisis de datos: a continuación, se realizará una comparación de datos antropomórficos y de metabolitos de los dos grupos uno metabólicamente sano (Grupo 1) y otro metabólicamente no sano (Grupo 2) y se compara con t student antes de inicio de la intervención bariátrica y seis meses después con el fin de evaluar si hay cambios significativos después de la intervención durante ese periodo**

**# Para este analisis se filyro datos por grupo**

group1 <- subset(data, Group == 1)

group2 <- subset(data, Group == 2)

**# Variables T0 y T5 a comparar (solo se tomó antropomorficos y de metabolitos para este ejemplo donde TO es la linea base y T5 son las mediciiones despues de seis meses)**

variables\_T0 <- c("MEDDM\_T0", "MEDCOL\_T0", "MEDINF\_T0", "MEDHTA\_T0",

"GLU\_T0", "INS\_T0", "HOMA\_T0", "HBA1C\_T0", "HBA1C.mmol.mol\_T0",

"PESO\_T0", "bmi\_T0", "CC\_T0", "CINT\_T0", "CAD\_T0", "TAD\_T0",

"TAS\_T0", "TG\_T0", "COL\_T0", "LDL\_T0", "HDL\_T0", "VLDL\_T0",

"PCR\_T0", "LEP\_T0", "ADIPO\_T0", "GOT\_T0", "GPT\_T0", "GGT\_T0",

"URICO\_T0", "CREAT\_T0", "UREA\_T0", "HIERRO\_T0", "TRANSF\_T0", "FERR\_T0")

variables\_T5 <- c("MEDDM\_T5", "MEDCOL\_T5", "MEDINF\_T5", "MEDHTA\_T5",

"GLU\_T5", "INS\_T5", "HOMA\_T5", "HBA1C\_T5", "HBA1C.mmol.mol\_T5",

"PESO\_T5", "bmi\_T5", "CC\_T5", "CINT\_T5", "CAD\_T5", "TAD\_T5",

"TAS\_T5", "TG\_T5", "COL\_T5", "LDL\_T5", "HDL\_T5", "VLDL\_T5",

"PCR\_T5", "LEP\_T5", "ADIPO\_T5", "GOT\_T5", "GPT\_T5", "GGT\_T5",

"URICO\_T5", "CREAT\_T5", "UREA\_T5", "HIERRO\_T5", "TRANSF\_T5", "FERR\_T5")

**# Crear data frame para los resultados**

results <- data.frame(Variable = variables\_T0,

Group1\_Mean\_T0 = numeric(length(variables\_T0)),

Group1\_SD\_T0 = numeric(length(variables\_T0)),

Group2\_Mean\_T0 = numeric(length(variables\_T0)),

Group2\_SD\_T0 = numeric(length(variables\_T0)),

Group1\_Mean\_T5 = numeric(length(variables\_T5)),

Group1\_SD\_T5 = numeric(length(variables\_T5)),

Group2\_Mean\_T5 = numeric(length(variables\_T5)),

Group2\_SD\_T5 = numeric(length(variables\_T5)),

p\_value\_group1 = numeric(length(variables\_T0)),

p\_value\_group2 = numeric(length(variables\_T0)))

**# Calcular estadísticas y pruebas t**

for (i in 1:length(variables\_T0)) {

var\_T0 <- variables\_T0[i]

var\_T5 <- variables\_T5[i]

**# Calcular media y desviación estándar para el grupo 1 en T0 y T5**

results$Group1\_Mean\_T0[i] <- mean(group1[[var\_T0]], na.rm = TRUE)

results$Group1\_SD\_T0[i] <- sd(group1[[var\_T0]], na.rm = TRUE)

results$Group1\_Mean\_T5[i] <- mean(group1[[var\_T5]], na.rm = TRUE)

results$Group1\_SD\_T5[i] <- sd(group1[[var\_T5]], na.rm = TRUE)

**# Calcular media y desviación estándar para el grupo 2 en T0 y T5**

results$Group2\_Mean\_T0[i] <- mean(group2[[var\_T0]], na.rm = TRUE)

results$Group2\_SD\_T0[i] <- sd(group2[[var\_T0]], na.rm = TRUE)

results$Group2\_Mean\_T5[i] <- mean(group2[[var\_T5]], na.rm = TRUE)

results$Group2\_SD\_T5[i] <- sd(group2[[var\_T5]], na.rm = TRUE)

**# Realizar prueba t entre T0 y T5 para cada grupo**

results$p\_value\_group1[i] <- t.test(group1[[var\_T0]], group1[[var\_T5]], paired = TRUE)$p.value

results$p\_value\_group2[i] <- t.test(group2[[var\_T0]], group2[[var\_T5]], paired = TRUE)$p.value

}

**# Resultados**

print(results)

**En la siguente tabla se resume los hallazgos de las variablleas estudiadas, en esta primera conclusión podemos evidenciar que en el grupo de pacientes sanos hubo mejora metabolica, en medicación medidas atropomorficas.**

# Como resultados en el grupo de metabolicamente sanos disminuyó la medicación, antropomorfica y los metabolitos asociados a:

#MEDCOL: Medición de colesterol o diagnóstico relacionado con colesterol.

#MEDINF: Medición médica de infección o inflamación.

#GLU: Glucosa en sangre (nivel de glucosa en ayunas).

#INS: Insulina (nivel de insulina en sangre).

#HOMA: HOMA (Modelo de evaluación de homeostasis), fórmula que se usa para estimar la resistencia a la insulina.

#HBA1C: Hemoglobina A1c (indicador de los niveles promedio de glucosa en sangre durante los últimos 2-3 meses).

#HBA1C, mmol/mol\_T0: Hemoglobina A1c expresada en unidades de mmol/mol.

#PESO: Peso corporal.

#BMI: Índice de Masa Corporal (IMC), medida del peso corporal en relación con la altura.

#CINT: Circunferencia de la cintura, utilizada para evaluar la distribución de la grasa corporal.

#CAD: Enfermedad arterial coronaria (CAD, por sus siglas en inglés).

#TG: Triglicéridos (tipo de grasa en la sangre).

#COL: Colesterol (total o alguna fracción, como LDL o HDL).

#PCR: Proteína C reactiva (marcador de inflamación en el cuerpo).

#LEP: Leptina (hormona relacionada con el control del apetito y la energía).

#ADIPO: Adiponectina (hormona que influye en el metabolismo de la glucosa y los lípidos).

#GGT: Gamma-glutamil transferasa (enzima hepática, utilizada como indicador de daño hepático).

#URICO: Ácido úrico (compuesto relacionado con el metabolismo de las purinas).

#UREA: Urea (producto de desecho del metabolismo de las proteínas que se elimina en la orina).

#TRANSF: Transferrina (proteína que transporta hierro en la sangre).

# Como resultados en el grupo de metabolicamente no sanos disminuyó la medicación, antropomorfica y los metabolitos asociados a:

#MEDDM: Medicación diabetes mellitus (medicación para diabetes tipo 2) al inicio.

#MEDCOL: Medicación para colesterol al inicio.

#GLU: Glucosa en sangre al inicio.

#INS: Insulina al inicio.

#HOMA: Índice de Homeostasis para la Resistencia a la Insulina al inicio.

#PESO: Peso corporal al inicio.

#BMI: Índice de masa corporal (Body Mass Index) al inicio.

#CINT: Circunferencia de la cintura al inicio.

#CAD: Coronary Artery Disease (Enfermedad Arterial Coronaria) al inicio.

#TG: Triglicéridos en sangre al inicio.

#COL: Colesterol total al inicio.

#LDL: Colesterol LDL (lipoproteínas de baja densidad) al inicio.

#PCR: Proteína C reactiva (indicador de inflamación) al inicio.

#LEP: Leptina (hormona relacionada con la regulación del peso corporal) al inicio.

#GPT: Alanina aminotransferasa (enzima hepática) al inicio.

#GGT: Gamma-glutamil transferasa (enzima hepática) al inicio.

#URICO: Ácido úrico en sangre al inicio.

#CREAT: Creatinina en sangre, indicador de función renal al inicio.

#TRANS: Transferrina (proteína que transporta hierro) al inicio.

# Conclusión: Existe efectos positivos del procedimiento de la cirujia bariatrica tanto en pacientes metabolicamente

# estable como los que no , lo que sugiere que este proceso es util tanto para disminucion de pesa y de masa como

# mejoramoento de los paraclinicos y enfermedades cardiovasculares

