

Genómica Computacional 2019-1
Rivera López Jorge Erick
Reporte. Práctica 3

Para esta práctica utilizamos información de perfiles de expresión obtenidos a través de la página de NCBI, para realizar el análisis de esta información utilizamos R, en principio se etiquetó a cada tupla (donde cada entrada era un número que representa qué tanto se expresa una característica) por así decirlo, en este caso se utilizaron solo tres tipos de células que actúan en el sistema nervioso como etiquetas, los Astrocitos, los Oligodendrocitos y Neuronas.

Seguido de esto utilizando R, nos dimos a la tarea para ver si en realidad los tres grupos identificados como ya se mencionó dados sus niveles de expresión obtenidos de utilizar microarreglos y procesar resultados, realmente eran tres grupos y si realmente los individuos pertenecían a dichos grupos en los cuales se les supuso pertenecían.

Primero utilizamos PCA para agruparlos, y se identificaron los tres grupos, luego utilizamos Agrupamiento jerárquico para agruparlos, y en lo general en la gráfica del agrupamiento se pudieron identificar a 3 grupos, en los cuales estaban los individuos supuestos previamente en esos grupos. Por último, se probó que realmente fueran esos 3 grupos, y que no fueran grupos formados al azar, utilizando la prueba ANOVA y Kruskal-Wallis donde la diferencia entre los dos es que Kruskal-Wallis no asume normalidad en los datos.

Cómo conclusión, los microarreglos ayudan a encontrar qué perfiles de expresión se expresan más que otros, obteniendo esta información plasmada en una matriz, podemos procesarla para encontrar que genes se parecen más y formar grupos, podemos utilizar herramientas como PCA, o hierarchical clustering, para agrupar estos genes, y con las pruebas de ANOVA y Kruskal-Wallis podemos ver si realmente los agrupamientos obtenidos no son obra de la casualidad o que realmente significan algo.