

Pratica RNAseq

```
library(DESeq2)
library(ggplot2)
library(tximeta)
library(pheatmap)
library(viridis)
setwd("~/PRATICA_RNASEQ/")
```

Carregue as informações sobre o experimento, nomes de amostras e condição

```
targets<-read.table("metadata.csv",
                    header=T,
                    sep = ",",
                    stringsAsFactors=FALSE,
                    col.names = c("names", "condition", "cell"))
targets$names<-as.factor(targets$names)
targets$cell<-as.factor(targets$cell)
```

fazer uma lista dos arquivos de quantificação criados pelo salmon. Por favor note que estas são apenas “strings”

```
files<-file.path(paste0("Quantification/",targets$names,"/quant.sf",se = ""))
```

verificar se a sequência (nomes de arquivo) criada nas etapas anteriores são arquivos reais em disco

```
file.exists(files)
```

```
## [1] TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE TRUE
```

Adicione os nomes dos arquivos à descrição do experimento.

```
targets$files<-files
row.names(targets)<-targets$names
```

verificar o objeto targets

```
targets
```

```
##           names      condition    cell      files
## SRR1039508 SRR1039508    Untreated  N61311  Quantification/SRR1039508/quant.sf
## SRR1039509 SRR1039509  Dexamethasone  N61311  Quantification/SRR1039509/quant.sf
## SRR1039512 SRR1039512    Untreated  N052611  Quantification/SRR1039512/quant.sf
## SRR1039513 SRR1039513  Dexamethasone  N052611  Quantification/SRR1039513/quant.sf
## SRR1039516 SRR1039516    Untreated  N080611  Quantification/SRR1039516/quant.sf
## SRR1039517 SRR1039517  Dexamethasone  N080611  Quantification/SRR1039517/quant.sf
## SRR1039520 SRR1039520    Untreated  N061011  Quantification/SRR1039520/quant.sf
## SRR1039521 SRR1039521  Dexamethasone  N061011  Quantification/SRR1039521/quant.sf
```

Importaremos a quantificação da transcrição gerada pelo salmon, e a descrição do experimento usando tximeta. Verifique o manual de tximeta para obter mais detalhes: <https://bioconductor.org/packages/3.14/bioc/vignettes/tximeta/inst/doc/tximeta.html>. Agora, antes de carregar nossos dados, crie o objeto transcriptome, isso vai ajudar a realizar várias operações, como resumir os níveis de expressão da transcrição no nível genético, obter informações funcionais sobre os genes, e assim por diante.

```
makeLinkedTxome(indexDir="salmon_index",
                 source="LocalEnsembl",
                 organism="Homo sapiens",
                 release="38",
                 genome="GRCh38.p13",
                 fasta="./references/gencode.v38.transcripts.fa.gz",
                 gtf="./references/gencode.v38.annotation.gtf.gz",
                 write=FALSE)
```

Agora crie o objeto tximeta que tem os dados de salmão, o experimento descrição, e acesso às informações do transcriptome. Este objeto é chamado Experiência resumida

```
se <- tximeta(targets)
```

Verifique o tamanho do objeto

```
dim(se)
```

```
## [1] 236186      8
```

verificar os nomes das transcrições, confirmar que você está vendo os nomes da transcrição e não nomes de genes. Como você faria agora.

```
head(rownames(se))
```

```
## [1] "ENST00000456328.2" "ENST00000450305.2" "ENST00000488147.1"
## [4] "ENST00000619216.1" "ENST00000473358.1" "ENST00000469289.1"
```

exploramos as informações do transcriptome para resumir os dados de expressão no nível genético. Você entende o que isso significa?

```
gse <- summarizeToGene(se)
```

Verifique o tamanho do objeto e verifique os nomes dos genes. Deve ser agora nomes de genes e não nomes de transcrições

```
dim(gse)
```

```
## [1] 60230      8
```

```
head(rownames(gse))
```

```
## [1] "ENSG00000000003.15" "ENSG00000000005.6" "ENSG00000000419.14"
## [4] "ENSG00000000457.14" "ENSG00000000460.17" "ENSG00000000938.13"
```

esses dois objetos são compostos de colData, intervalos e dados de ensaio, ver figura vamos ver cada um desses elementos em nossos objetos “se” e “gse” Veja o número na seção 2.5 de <https://bioconductor.org/packages/release/workflows/vignettes/rnaseqGene/inst/doc/rnaseqGene.html>

```
colData(gse)
```

```
## DataFrame with 8 rows and 3 columns
##           names      condition      cell
##           <factor> <character> <factor>
## SRR1039508 SRR1039508      Untreated N61311
## SRR1039509 SRR1039509 Dexamethasone N61311
## SRR1039512 SRR1039512      Untreated N052611
## SRR1039513 SRR1039513 Dexamethasone N052611
## SRR1039516 SRR1039516      Untreated N080611
## SRR1039517 SRR1039517 Dexamethasone N080611
## SRR1039520 SRR1039520      Untreated N061011
```

```
## SRR1039521 SRR1039521 Dexamethasone N061011
```

```
head(assay(gse))
```

```
##          SRR1039508 SRR1039509 SRR1039512 SRR1039513 SRR1039516
## ENSG00000000003.15    56.109    35.919    61.439    46.000    77.001
## ENSG00000000005.6      0.000      0.000      0.000      0.000      0.000
## ENSG000000000419.14   39.003    54.013    39.970    41.000    46.001
## ENSG000000000457.14   30.645    29.552    22.995    25.501    23.330
## ENSG000000000460.17    5.701     9.453     2.000     3.499    11.000
## ENSG000000000938.13    0.000      0.000      0.000      0.000      0.000
##          SRR1039517 SRR1039520 SRR1039521
## ENSG00000000003.15    77.984    63.480    55.973
## ENSG00000000005.6      0.000      0.000      0.000
## ENSG000000000419.14   41.017    40.389    36.001
## ENSG000000000457.14   22.251    19.409    27.784
## ENSG000000000460.17   11.739    10.591     5.000
## ENSG000000000938.13    0.000      0.000      0.000
```

```
rowRanges(gse)
```

```
## GRanges object with 60230 ranges and 2 metadata columns:
```

```
##          seqnames          ranges strand |          gene_id
##          <Rle>          <IRanges> <Rle> |          <character>
## ENSG00000000003.15 chrX 100627108-100639991 - | ENSG00000000003.15
## ENSG00000000005.6 chrX 100584936-100599885 + | ENSG00000000005.6
## ENSG000000000419.14 chr20 50934867-50959140 - | ENSG000000000419.14
## ENSG000000000457.14 chr1 169849631-169894267 - | ENSG000000000457.14
## ENSG000000000460.17 chr1 169662007-169854080 + | ENSG000000000460.17
##          ...          ...          ...          ...          ...
## ENSG00000288721.1 chr6 41793314-41921139 - | ENSG00000288721.1
## ENSG00000288722.1 chrX 154886355-154888061 + | ENSG00000288722.1
## ENSG00000288723.1 chr1 241722926-241848128 - | ENSG00000288723.1
## ENSG00000288724.1 chr3 46284775-46293795 - | ENSG00000288724.1
## ENSG00000288725.1 chr16 56430556-56501497 - | ENSG00000288725.1
##          tx_ids
##          <CharacterList>
## ENSG00000000003.15 ENST00000373020.9,ENST00000612152.4,ENST00000614008.4,...
## ENSG00000000005.6 ENST00000373031.5,ENST00000485971.1
## ENSG000000000419.14 ENST00000466152.5,ENST00000371582.8,ENST00000371588.10,...
## ENSG000000000457.14 ENST00000367771.11,ENST00000367770.5,ENST00000367772.8,...
## ENSG000000000460.17 ENST00000498289.5,ENST00000472795.5,ENST00000359326.9,...
##          ...
## ENSG00000288721.1 ENST00000684631.1,ENST00000682596.1,ENST00000683313.1
## ENSG00000288722.1 ENST00000610495.2
## ENSG00000288723.1 ENST00000684005.1
## ENSG00000288724.1 ENST00000683399.1
## ENSG00000288725.1 ENST00000684388.1
## -----
## seqinfo: 25 sequences (1 circular) from an unspecified genome; no seqlengths
```

Com estes objetos (gse) podemos agora iniciar a análise diferencial de expressão genética. Para isso existem muitos pacotes R diferentes que poderiam ser usados hoje vamos usar o pacote DESeq2. Então, primeiro precisamos transformar nosso objeto SummarizedExperiment (gse) para um objeto que é nativo do DESeq2, que é DESeqDataSet, além dos dados, o DESeqDataSet requer uma descrição do design experimental, em que dizemos quais são o fator de interesse no estudo, e/ou o fatores que devem ser fontes de variação e como lidar

com eles. Isso é feito usando uma fórmula, com o mesmo syntax que em modelos lineares simples (lm) em R. Neste exemplo em particular, temos pelo menos (que sabemos) fontes de variação. Primeiro, a condição, amostras tratadas ou não com Dexametasona. Segundo, a linha celular. A célula ASM primária foi obtida de quatro doadores, e depois divididos nos grupos tratados e não tratados. Então podemos ter um efeito do doador. Verifique se os alvos se opõem para ver isso. Usaremos esses dois fatores em nossas análises. Queremos testar o efeito de Dexametasona, enquanto controla o efeito de diferentes linhas celulares. Note que este é um design experimental emparelhado. Como cada amostra (cellLine) foi tratado e não tratado nesse caso, especificaremos a fórmula como $\sim \text{cellLine} + \text{condição}$

```
dds <- DESeqDataSet(gse, design = ~cell+condition)
```

É comum que os genes no conjunto de dados não expressos em tudo, e outros para ser muito pouco expresso, é uma boa prática para removê-los de análises adicionais

```
nrow(dds) # Numero de genes antes da filtragem
```

```
## [1] 60230
```

```
keep <- rowSums(counts(dds)) > 1
```

```
dds <- dds[keep,]
```

```
nrow(dds) # Numero de genes depois da filtragem
```

```
## [1] 22637
```

Verifique o efeito da normalização

```
head(counts(dds),2)
```

```
##          SRR1039508 SRR1039509 SRR1039512 SRR1039513 SRR1039516
## ENSG00000000003.15      56      36      61      46      77
## ENSG000000000419.14     39      54      40      41      46
##          SRR1039517 SRR1039520 SRR1039521
## ENSG00000000003.15      78      63      56
## ENSG000000000419.14     41      40      36
```

```
dds <- estimateSizeFactors(dds)
```

```
head(counts(dds,normalized=TRUE),2)
```

```
##          SRR1039508 SRR1039509 SRR1039512 SRR1039513 SRR1039516
## ENSG00000000003.15  44.39943  29.97241  81.84358  40.49370  67.06722
## ENSG000000000419.14  38.28429  58.30182  38.52643  42.48666  42.47223
##          SRR1039517 SRR1039520 SRR1039521
## ENSG00000000003.15  89.53866  93.24759  48.53583
## ENSG000000000419.14  40.73567  37.69782  39.36373
```

```
colSums(assay(gse))
```

```
## SRR1039508 SRR1039509 SRR1039512 SRR1039513 SRR1039516 SRR1039517 SRR1039520
##   1788789   1752398   1711969   1661466   1638343   1636627   1652720
## SRR1039521
##   1645795
```

Também é uma boa ideia remover genes em que um determinado número de amostras não têm uma contagem

```
keep <- rowSums(counts(dds) >= 5) >= 4
```

```
dds <- dds[keep,]
```

```
nrow(dds) # Number of genes, that have counts in at least 4 samples, and the sum of counts is greater than 4
```

```
## [1] 12493
```

Agora que os dados estão no formato adequado e filtrados podemos realizar algumas análises exploratórias para verificar se os dados parecem bons

Muitas das análises exploratórias requerem dados homocedasticos. As que nossas contagens não são. No DESeq2 a função vst e rlog, pode normalizar os dados para torná-lo mais homocedasticos . Como regra vst é melhor quando você tem mais de 30 amostras

```
rld <- rlog(dds, blind = TRUE)
head(assay(rld))
```

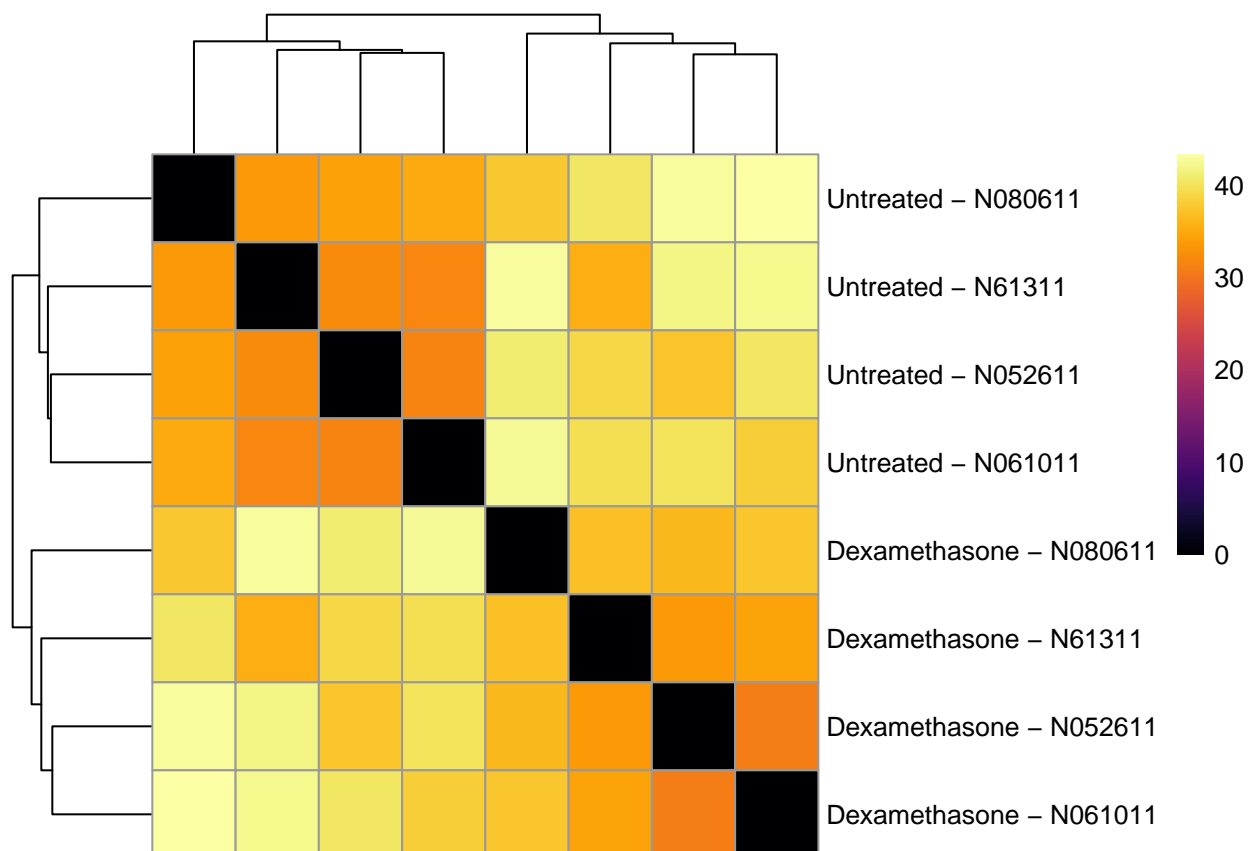
```
##          SRR1039508 SRR1039509 SRR1039512 SRR1039513 SRR1039516
## ENSG00000000003.15  5.668507  5.412780  6.131921  5.606821  5.977217
## ENSG000000000419.14  5.328875  5.627996  5.332968  5.399332  5.399182
## ENSG000000000457.14  4.660658  4.683921  4.567988  4.858900  4.463051
## ENSG000000000460.17  2.710491  3.192373  2.643494  2.710112  3.287736
## ENSG000000000971.16  8.355375  8.681668  8.717486  9.024253  8.727782
## ENSG00000001036.14  7.378111  7.354549  7.537149  7.312464  7.249918
##          SRR1039517 SRR1039520 SRR1039521
## ENSG00000000003.15  6.209182  6.237475  5.732909
## ENSG000000000419.14  5.370584  5.318391  5.347868
## ENSG000000000457.14  4.561684  4.576634  4.843399
## ENSG000000000460.17  3.009248  2.911021  2.707349
## ENSG000000000971.16  9.155519  8.788360  9.286782
## ENSG00000001036.14  7.075706  7.401943  7.059771
```

Agora vamos olhar para a semelhança entre as amostras vamos calcular a distância euclidiana entre as amostras com a função dist Esta função pressupõe que as amostras são as linhas, por isso devemos primeiro transpor a matriz Vamos visualizar as distâncias entre as amostras como um mapa de calor

```
sampleDists <- dist(t(assay(rld)))
sampleDists
```

```
##          SRR1039508 SRR1039509 SRR1039512 SRR1039513 SRR1039516 SRR1039517
## SRR1039509    35.46829
## SRR1039512    32.38620    39.08480
## SRR1039513    41.89259    33.74070    37.39767
## SRR1039516    33.68100    40.43479    34.23108    42.86046
## SRR1039517    42.84794    36.91977    40.91517    36.25173    37.64534
## SRR1039520    31.77332    39.63508    31.46431    40.20266    35.05061    42.50047
## SRR1039521    42.12258    34.43171    40.38196    31.01407    43.32233    37.44675
##          SRR1039520
## SRR1039509
## SRR1039512
## SRR1039513
## SRR1039516
## SRR1039517
## SRR1039520
## SRR1039521    38.17167
```

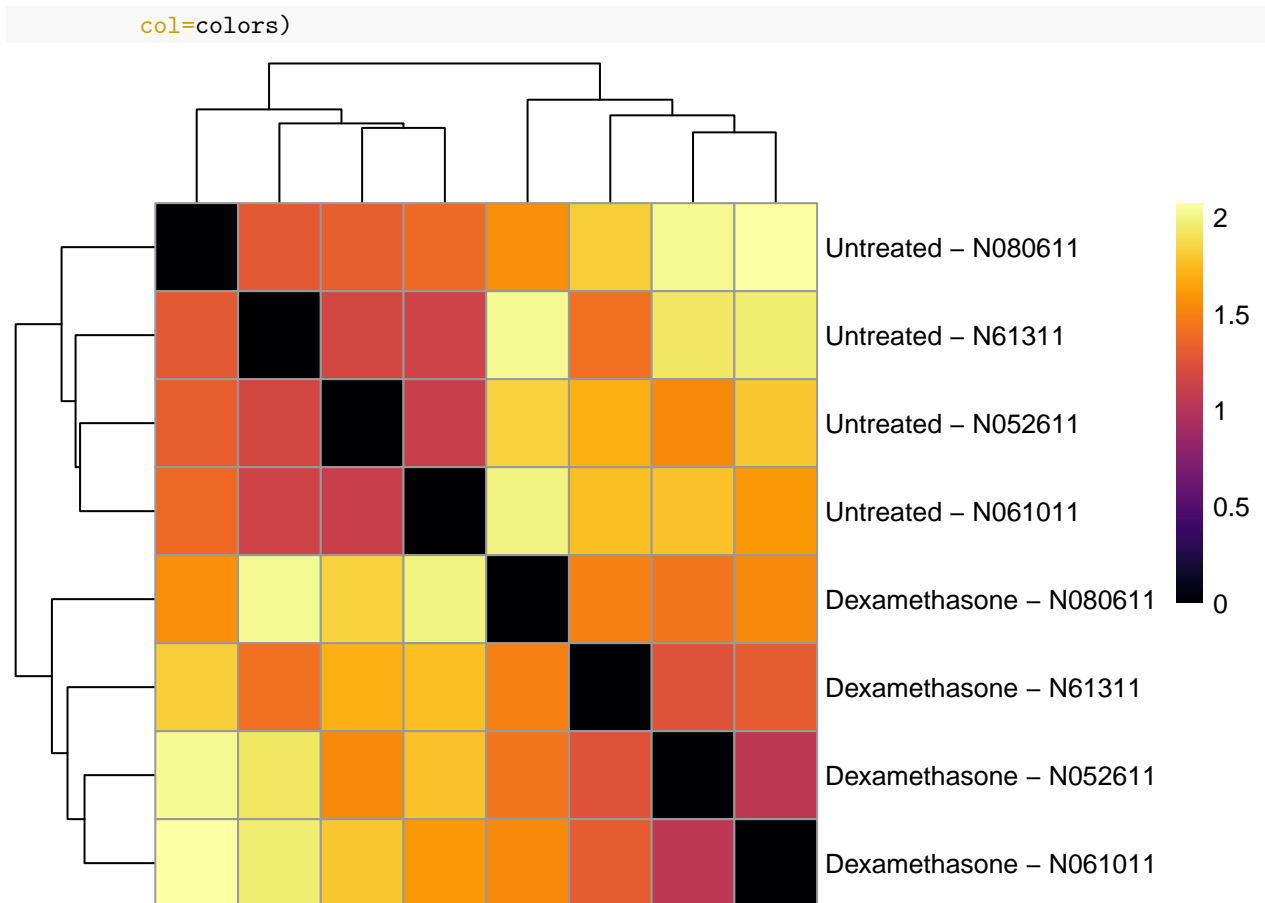
```
sampleDistMatrix <- as.matrix( sampleDists )
rownames(sampleDistMatrix) <- paste( rld$condition, rld$cell, sep = " - " )
colnames(sampleDistMatrix) <- NULL
colors <- inferno(250)
pheatmap(sampleDistMatrix,
          clustering_distance_rows = sampleDists,
          clustering_distance_cols = sampleDists,
          col = colors)
```



```
sampleDists <- dist(t(assay(rld)))
sampleDists
```

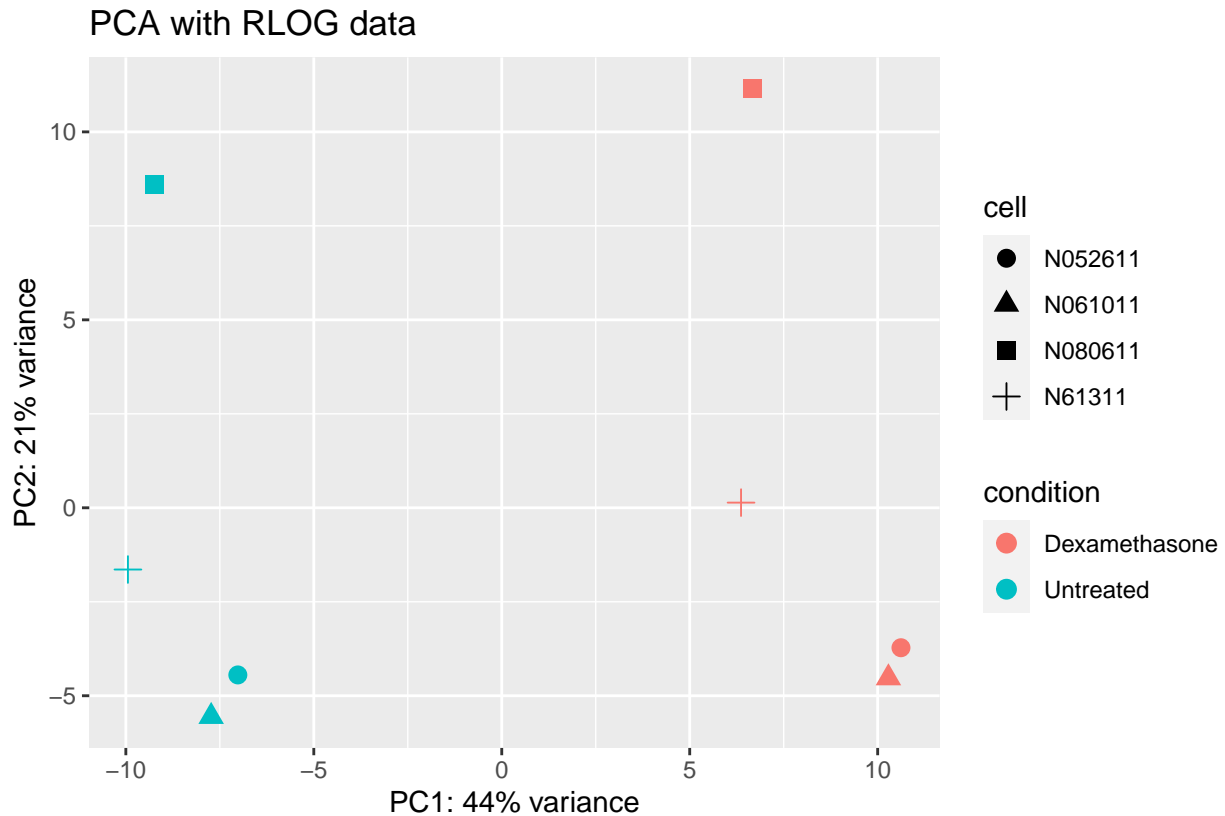
```
##          SRR1039508 SRR1039509 SRR1039512 SRR1039513 SRR1039516 SRR1039517
## SRR1039509    35.46829
## SRR1039512    32.38620    39.08480
## SRR1039513    41.89259    33.74070    37.39767
## SRR1039516    33.68100    40.43479    34.23108    42.86046
## SRR1039517    42.84794    36.91977    40.91517    36.25173    37.64534
## SRR1039520    31.77332    39.63508    31.46431    40.20266    35.05061    42.50047
## SRR1039521    42.12258    34.43171    40.38196    31.01407    43.32233    37.44675
##          SRR1039520
## SRR1039509
## SRR1039512
## SRR1039513
## SRR1039516
## SRR1039517
## SRR1039520
## SRR1039521    38.17167
```

```
samplecor <- as.dist((1-(cor(assay(rld), method='pearson')))*100)
sampleCorMatrix <- as.matrix( samplecor )
rownames(sampleCorMatrix) <- paste( rld$condition, rld$cell, sep = " - " )
colnames(sampleCorMatrix) <- NULL
pheatmap(sampleCorMatrix,
          clustering_distance_rows = samplecor,
          clustering_distance_cols = samplecor,
```



Também é comum mostrar o agrupamento das das amostras mediante PCA, colorido com os fatores de interesse

```
pcaData <- plotPCA(rld, intgroup = c( "condition",
                                     "cell"),
                  returnData = TRUE)
percentVar <- round(100 * attr(pcaData, "percentVar"))
ggplot(pcaData, aes(x = PC1, y = PC2, color = condition, shape = cell)) +
  geom_point(size = 3) +
  xlab(paste0("PC1: ", percentVar[1], "% variance")) +
  ylab(paste0("PC2: ", percentVar[2], "% variance")) +
  coord_fixed() +
  ggtitle("PCA with RLOG data")
```



Agora fazemos o análise de expressão diferencial tendo em conta os fatores `~cell+condition`

```
dds <- DESeq(dds)
res <- results(dds, lfcThreshold = 1, altHypothesis = "greaterAbs", parallel = T)
```

Olhamos o tamanho do objeto gerado

```
dim(res)
```

```
## [1] 12493      6
```

Vamos ver se o gene `ENSG00000103196.12` está nos genes que estão expressos diferencialmente

```
df <- as.data.frame(res)
df["ENSG00000103196.12",]
```

```
##           baseMean log2FoldChange    lfcSE    stat      pvalue
## ENSG00000103196.12  233.8174      -2.657034 0.2180493 -7.599355 2.976106e-14
##                padj
## ENSG00000103196.12 2.855709e-11
```

fazemos uma grafica dos níveis de expressão do gene “ENSG00000103196.12” nas diferentes condições

```
plotCounts(dds, gene = "ENSG00000103196.12")
```