# Sujet contrôle continu

Université Grenoble Alpes - Master Statistique - UE Biostatistique

*Florent Chuffart & Magali Richard*

*2018-11-19*

## Sujet

On s'intéresse à la méthylation de l'ADN sur différents tissus humains (187 échantillons). Pour certains échantillons, le genre est manquant. En vous inspirant du code joint en exemple, définissez un algorithme permettant **d'imputer les données manquantes** concernant le genre.

Décrivez votre méthode d'un point de vue statistique, justifiez vos choix Critiquez les résultats obtenus d'un point de vue biologique.

Veuillez restituer votre travail sous le format d'un PDF de deux pages (graphiques compris)

Ce travail est à renvoyer par e-mail avant le mardi 27 novembre 2018 (minuit) à :

- magali.richard@univ-grenoble-alpes.fr & florent.chuffart@univ-grenoble-alpes.fr

## Données

```
install.packages("devtools")
devtools::install_github("fchuffar/methdbr")
```

```
d  = methdbr::methdbr_d # A matrix of 187 x 137595 beta values (methylation of CpG probes)
e  = methdbr::methdbr_e # A data frame that describes the 187 samples.
pf = methdbr::methdbr_pf #  A data frame that describes the 137595 CpG probes.
```

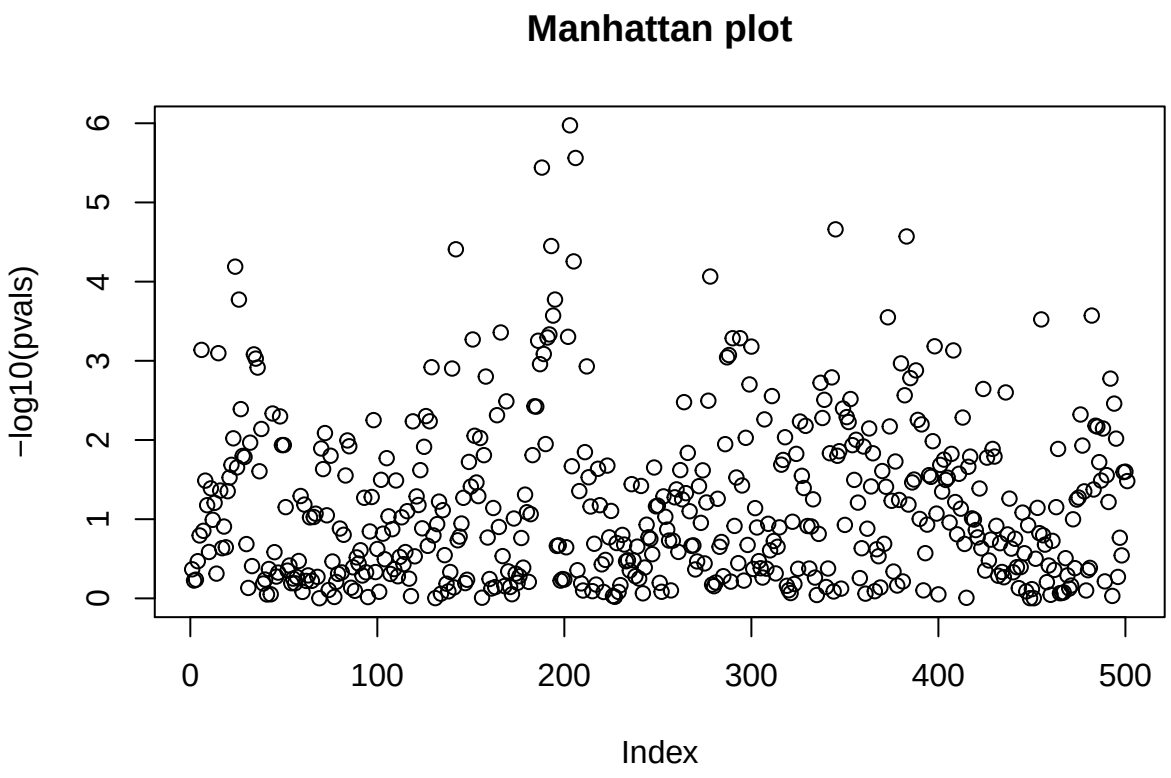
```
table(e$sex, useNA = "ifany")  # NA corresponds to missing sex data
```

```
##
##    F    M <NA>
##   44   73   70
```

## Exemple

Voici un exemple de regression logistique sur le jeu de données fourni. Ici on modélise l'effet de 500 sondes sur le sexe des échantillons et on visualise l'effet spécifique de 3 sondes d'interêt.

```
s = as.numeric(as.factor(e[colnames(d), ]$sex)) - 1
pvals = apply(d[3500:4000, ], 1, function(meth) {
    m = glm(s ~ meth, family = binomial(logit))
    m$coefficients
    summary(m)$coefficients
    pval = summary(m)$coefficients[2, 4]
})
plot(-log10(pvals), main = "Manhattan plot")  # Visualisation of pvalues
```




```
probes = names(pvals)[order(pvals)][1:3]  #Select 3 probes
layout(matrix(1:3, 1, byrow = TRUE), respect = TRUE)
for (probe in probes[1:3]) {
    meth = d[probe, ]
    plot(meth, s, main = paste0("s~meth ", probe), col = s + 1)
    m = glm(s ~ meth, family = binomial(logit))
    logitinv = function(x) 1/(1 + exp(-x))
    x = sort(meth)
    lines(x, logitinv(m$coefficients[[1]] + m$coefficients[[2]] * x), col = 2,
        lwd = 2)
    py1x = function(t, m) {
        x = m$coefficients[[1]] + m$coefficients[[2]] * t
        1/(1 + exp(-x))
    }
    suppressWarnings(arrows(meth, s, meth, py1x(meth, m), col = adjustcolor(4,
        alpha.f = 0.2), length = 0.05, lwd = 3))
    legend("bottomright", "P(Y|X)", col = 4, lty = 1, cex = 0.6)
}
```