

## ex4: MA plot

MA plot は2グループの遺伝子発現を視覚化する便利な散布図である。マイクロアレイ解析でもRNAseq解析でも頻用される。

[Definition of M & A]

- M: log of the ratio = 発現量の比
  - $M = \log(\text{intensityB} / \text{intensityA})$
- A: intensity average of log intensity = 発現量の相乗平均
  - $A = \log(\sqrt{\text{intensityA} * \text{intensityB}})$

"arab2.txt" のデータでMA plotを書いてみよう。(ex3の手続きによってデータを変数datに読み込み済とする)

Q1) m1 vs m2 のMA-plot を書きなさい。

基本形

```
M <- log2(dat$m2 / dat$m1)
A <- log2(sqrt(dat$m1 * dat$m2))
plot(A, M)
```

ただしこのままではエラーが発生する。(なぜか、エラーメッセージをもとに考えてみよう)。

エラー対応と少し見栄えを良くするために、スクリプトを修正。

```
M <- log2(dat$m2 + 1) - log2(dat$m1 + 1)
A <- 1/2 * (log2(dat$m2 + 1) + log2(dat$m1 + 1))
plot(A, M, pch=16, cex=0.4, ylim=c(-8,8))
```

コメント：edgeRにはより気の利いたMAplotを描画するコマンドが定義されている。ほかのRNAseq解析用パッケージやマイクロアレイ解析用パッケージにも同様のコマンドが用意されている場合が多い。ただ、MAプロットは自力で作製できるようにしておきたい。

発展：MA plotに、発現比が1, 2, 1/2 を示す線分を追加してみよう。

(例)

```
abline(h=log2(2), col="red", lty=2)
abline(h=log2(1/2), col="red", lty=2)
abline(h=0, col="blue", lty=2)
```

