给学徒的GEO作业

Original 生信技能树 生信技能树 2018-09-06 10:54

收录于合集

#学徒作业 117 #GEO 27

首先需要看完R语言及GEO视频并且尝试理解代码在:

https://github.com/jmzeng1314/GEO

视频在: https://www.bilibili.com/video/av26731585/

作业1

看懂文章: https://www.jci.org/articles/view/96060/figure/1 看其C子图里面的TRAF4基因在4个数据集的表达量,画出更漂亮的boxplot。

提示:需要看完文章,了解作者所引用的数据并且下载对应的数据集,提取TRAF4基因对应的探针的表达量,根据对应的分组信息画boxplot。

- 2010-cancer cell MSKCC GSE21032 ProstateCancer Genomics Data Portalat http://cbio.mskcc.org/prostate-portal
- 2005-cancer cell GSE3325 Affymetrix U133 2.0 Plus arrays
- 2007-BMCCancer. GSE6919
- 2012- Nature. GEO(GSE35988).

作业2

了解数据集: GSE17708 对应的文章: PMID: 20007254 并且搞清楚该文章涉及的样本,实验设计。

找到最后一个时间点处理(72 h)的 3个样本和3个untreated的A549 lung adenocarcinoma cell line的**差异表达基因集**,以及其**GO/KEGG富集分析**结果。

然后看看 BMC Systems Biology 2014 的文章是如何重新利用这个数据集的。 https://doi.org/10.1186/1752-0509-8-55 列出其分析点。

还有几个类似的作业就不一一介绍了。

进阶

还可以看看GSEA,GSVA是如何作用于整个表达矩阵,不局限于72小时的。

还可以看看这个R包和教程。https://blog.csdn.net/msw521sg/article/details/75452019 如何根据药物处理时间来找模块。

或者学习下面的几个R包:

Mfuzz

MaSigPro ImpulseDE2 EBSeq-HMM

还可以使用WGCNA来分析这个数据集。https://github.com/jmzeng1314/my_WGCNA

其它作业

下面这些芯片数据所依赖的文章看懂,查询到,然后下载数据集自己分析一波。

- GSE11072 2009-gastric cancer SBC Human 16K cDNA Microarray
- GSE42872 2015-melanoma-vemurafenib HuGene-1_0-st
- GSE24673 2015-hub-gene-mcode-retinoblastoma HuGene-1_0-st
- GSE22863 2011-NSCLC HuGene-1_0-st
- GSE622221, GSE4180414, GSE5140122 A total of 117 samples (54 cases and 63 controls) Affymetrix Human Genome U133 Plus 2.0 Array 2015-HCC
- GSE21815 2016-CRC Agilent-014850 Whole Human Genome Microarray 4x44K

独家福利

如果需要组装自己的服务器; 代办生物信息学服务器

如果需要帮忙下载海外数据(GEO/TCGA/GTEx等等),点我?

如果需要线下辅导及培训,看招学徒

如果需要个人电脑: 个人计算机推荐

如果需要置办生物信息学书籍,看:生信人必备书单

如果需要实习岗位:实习职位发布

如果需要售后: 点我

收录于合集 #学徒作业 117

上一篇

这个WGCNA作业终于有学徒完成了!

下一篇

生信编程直播课程优秀学员作业展示2

Read more

People who liked this content also liked

如果你是QGIS用户,真诚的向你推荐它自带的隐藏色带系统;如果使用ArcGIS,那么推荐一个网站给你!

GIS荟



丁传敏/杨冰/于利娟课题组Small structures: ZSM-5内Pt单原子分散机制科学温故社



北京科技大学王戈&北京师范大学陈晓 ACS Nano综述:相变材料"相遇"气凝胶 - 基础、进展和未来



高分子科技