

PATRICIA MORÓN RIDAO NP:142784

ARCHIVOS DE SALIDA

¿QUÉ PASA SI HACEMOS UNA TRANSFORMACIÓN LOGARÍTMICA DE LOS DATOS? ¿PARA QUÉ SIRVE?

ANTES log2 →

DESPUÉS log2 →

Distribución: Muy asimétrica a la derecha

Distribución: Más simétrica y normal

Rango: muy amplio, de 0-15.000

Rango: más compacto, de 0-14

Pocos genes muy altos que "dominan"

Todos los genes están equilibrados

¿QUÉ SIGNIFICAN LOS PARÁMETROS QUE HEMOS EMPLEADO?

Grupo WT (Azul)

Grupo KO (Naranja) Conclusión

Mediana: 7.5

Mediana: 8.0

KO más expresado

Rango: 2-12

Rango: 2-13

KO tiene genes más altos

¿QUÉ ES UN BOXPLOT?

La caja representa el 50% central, la línea media representa la mediana, la barra es el rango normal y además contamos con valores extremos

¿ES CORRECTA LA SEPARACIÓN?

Separación PERFECTA: 3 WT + 3 KO

Experimento VÁLIDO

Listo para t-test → 42 genes DE

¿QUÉ TIPO DE DATOS HAS GENERADO?

2 matrices (WT/KO) + 2 vectores de medias → Perfecto para scatter + t-test

¿CUÁL ES LA MEDIA MÁS ALTA?

15.14874 (KO, gen 1555761_s_at)

¿ERES CAPAZ DE AÑADIRLE UN GRID?

Sí, ↑ 42 PUNTOS ROJOS ARRIBA = GENES ↑ EN KO

Puntos pequeños + Diagonal roja + Grid gris claro

USAMOS LOS DATOS SIN TRANSFORMAR. ¿POR QUÉ?

data = solo para CONTAR GENES, t.test usa log2

¿CUÁNTAS VALORES TIENE CADA MUESTRA?

6 muestras × 12,488 valores = 74,928 datos

¿QUÉ PASA SI LE PONEMOS CON UNA TRANSFORMACIÓN DE $-\log_{10}$?

$-\log_{10}(0.01) = 2 \rightarrow$ se vuelve MÁS PEQUEÑO y MÁS ALTO

¿CUÁNTOS GENES CUMPLEN LOS DOS CRITERIOS?

210 (diff) \cap 429 (p) = 42 DE VERDADEROS \rightarrow 42 genes cumplen ambos criterios

AHORA VAMOS A MARCAR LOS QUE ESTARÍAN SOBREEXPRESADOS (ROJO) Y REPRIMIDOS (AZUL).

¿POR QUÉ PARECE QUE ESTÁN AL REVÉS?

$w_t - k_o < 0 =$ KO más alto = ROJO, ¡NO AZUL! \rightarrow La fórmula está invertida, el azul debería ser rojo y el rojo debería ser azul

¿QUÉ ES CADA PARÁMETRO QUE HEMOS USADO DENTRO DE LA FUNCIÓN HEATMAP?

Filtered \rightarrow datos a visualizar

Rowv=rowv \rightarrow ordena filas/ genes

Colv=colv \rightarrow ordena columnas/ muestras

cexCol=0.7 \rightarrow tamaño de etiquetas, columnas

labRow=FALSE \rightarrow sin nombres en filas

¿ERES CAPAZ DE CAMBIAR LOS COLORES DEL HEATMAP? PISTA: USAR EL ARGUMENTO COL Y HCL.COLORS

40 KO \uparrow \rightarrow AMARILLO/ROJO

2 WT \uparrow \rightarrow AZUL/MORADO

WT agrupados \rightarrow Izquierda

KO agrupados \rightarrow Derecha

PDF listo \rightarrow "Heatmap_PRO.pdf"