

# Examen voorbeeldoefening 2

Alexandre Segers & Lieven Clement

statOmics, Ghent University (<https://statomics.github.io>)

## Contents

<b>1 Data exploratie</b>	<b>1</b>
<b>2 Algemeen lineair model opstellen</b>	<b>2</b>
<b>3 Hypotheses testen</b>	<b>2</b>
<b>4 Conclusie:</b>	<b>2</b>

Onderzoekers hebben het proteoom van weefselbiopsieën van verschillende regio's in het hart in kaart gebracht voor 3 patienten (patient 3, 4 en 8 genummerd). Ze hebben het proteoom gemeten in het linker atrium (LA), rechter atrium (RA), linker ventrikel (LV) en rechter ventrikel (RV) met massa-spectrometrie.

De intensiteiten zijn een goeie proxy voor de proteïneconcentratie. Het is de conventie in massaspectrometrie gebaseerde proteomics om de intensiteiten op log-schaal te modelleren zodat de verschillen op log-schaal een interpretatie krijgen als log2-fold changes. De intensiteitsdata zijn reeds log2 getransformeerd.

In dit examen zijn we vooral geïnteresseerd in het proteïne Myosin light chain 3 (verder MyosinL3 genoemd) en wensen we volgende onderzoeksvragen te beantwoorden:

1. Is er een verschil in de regulatie van MyosinL3 tussen het ventrikel en het atrium in de linkerzijde van het hart.
2. Is er een verschil in de regulatie van MyosinL3 tussen het ventrikel en het atrium in de rechterzijde van het hart.
3. Is de fold change van MyosinL3 tussen ventrikel en atrium verschillend tussen linker- en rechterzijde van het hart

## 1 Data exploratie

Merk op dat de intensiteiten nog niet log2 getranformeerd zijn!!!

```
hart <- read.csv(file = "https://raw.githubusercontent.com/statOmics/biostatistics21/master/hearthprote
```

**2** Algemeen lineair model opstellen

**3** Hypotheses testen

**4** Conclusie: