# Explorando el Transcriptoma con Datos de Expresión Genética

**GSEA** 

Yered Pita-Juárez

8/1/2015

- Prueba de expresion diferencial usando grupos de genes
- La idea principal es usar grupos de genes pre definidos
- Definir los grupos de genes para ayudar a interpretar los resultados
- Analizar muestras del ALL
- leucemia linfoide aguda en celulas B
- Dos grupos: con on sin la mutación BCR/ABL

```
library("ALL")
data("ALL")
bcell = grep("^B", as.character(ALL$BT))
moltyp = which(as.character(ALL$mol.biol) %in% c("NEG", "BCR/ABL"))
ALL_bcrneg = ALL[, intersect(bcell, moltyp)]
ALL_bcrneg$mol.biol = factor(ALL_bcrneg$mol.biol)
```

 Filtrado: seleccionar los genes que estan por arriba del percentil del 50% de la variabilidad

```
library("hgu95av2.db")
library("genefilter")
ALLfilt_bcrneg = nsFilter(ALL_bcrneg, var.cutoff=0.5)$eset
```

- KEGG: base de datos que contiene genes en rutas biologicas
- Definir los grupos de genes basados en rutas biologicas

Solo vamos a considerar las rutas biologicas con mas de 10 genes

```
selectedRows = (rowSums(Am)>10)
Am2 = Am[selectedRows, ]
```

Vamos a usar la prueba de GSEA

```
library("Category")
set.seed(123)
NPERM = 1000
pvals = gseattperm(nsF, nsF$mol.biol, Am2, NPERM)
pvalCut = 0.025
lowC = names(which(pvals[, 1]<=pvalCut))
highC = names(which(pvals[, 2]<=pvalCut))</pre>
```

 Determinar el nombre de las rutas biologicas que tienen expression diferencial

```
library("KEGG.db")
head(getPathNames(lowC))
head(getPathNames(highC))
```

#### Ejercicio

Trata de interpretar las rutas biologicas que estan diferencialmente expresadas.

```
"Homologous recombination"
```

<sup>&</sup>quot;Ribosome"

<sup>&</sup>quot;Complement and coagulation cascades"

<sup>&</sup>quot;Lysosome"

<sup>&</sup>quot;Axon guidance"

<sup>&</sup>quot;Pathogenic Escherichia coli infection"

<sup>&</sup>quot;Shigellosis"

<sup>&</sup>quot;Viral myocarditis"