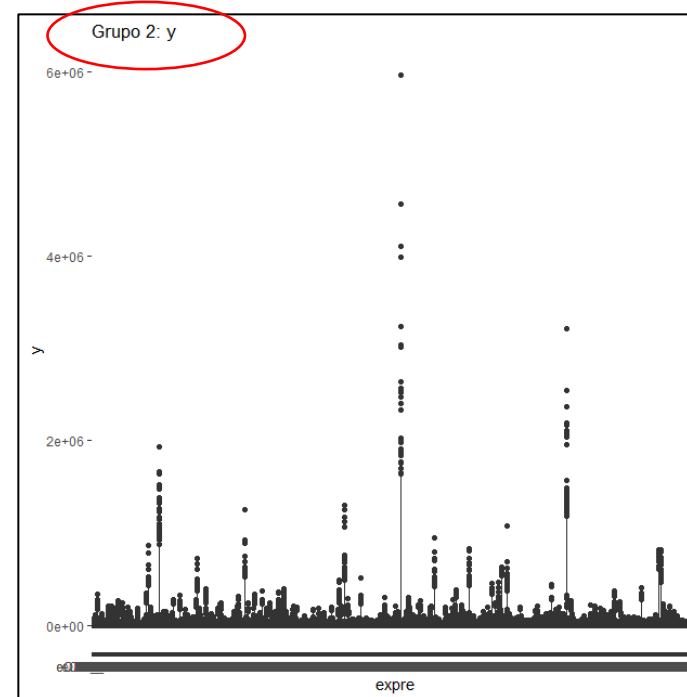
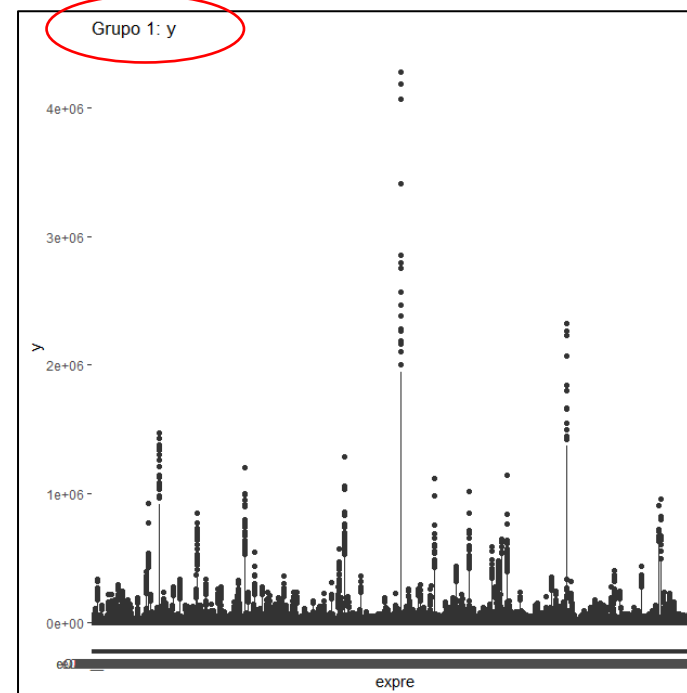
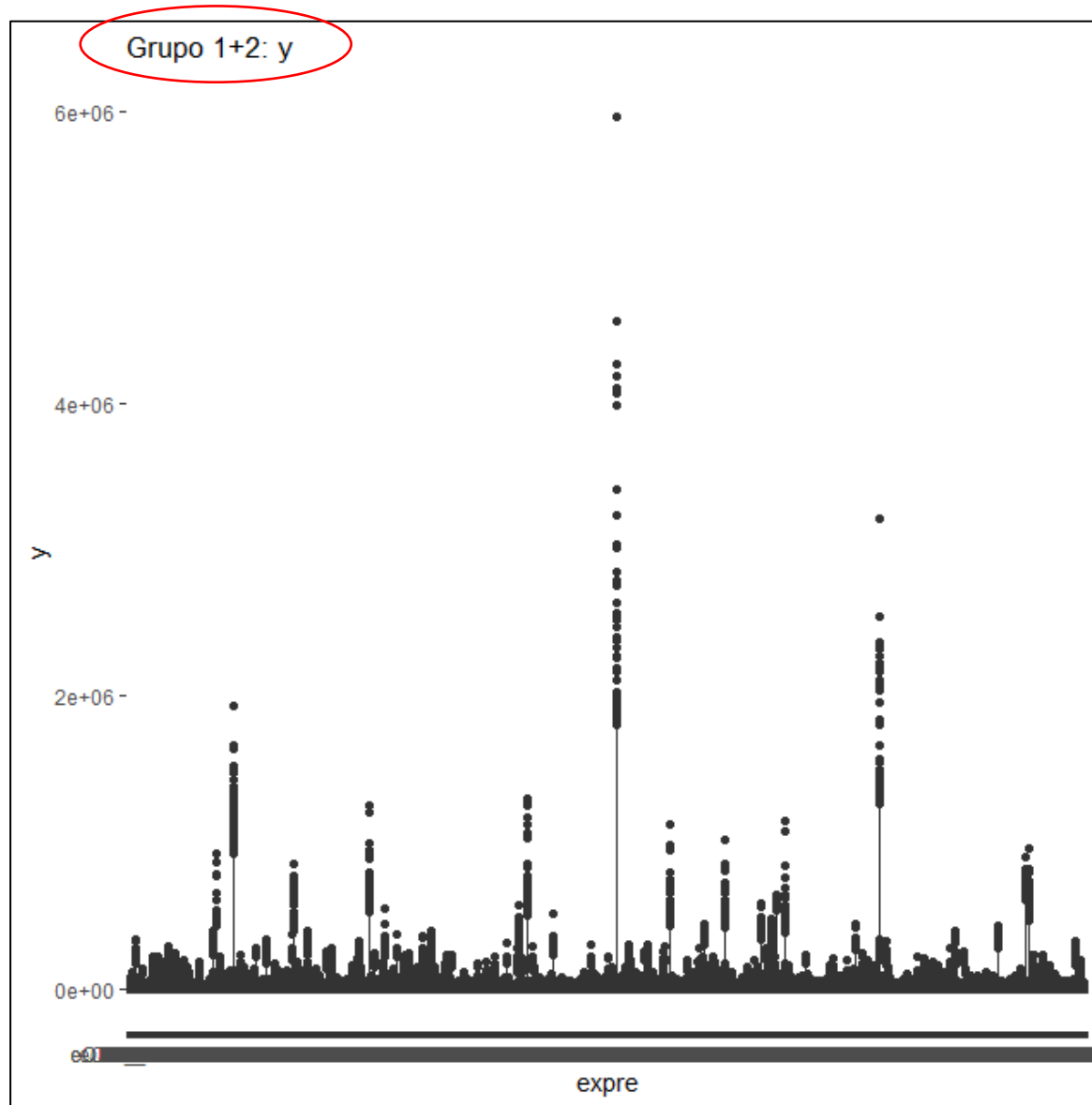


IBI5086 – Introdução a Métodos Estatísticos para a Bioinformática

Análise dos dados do projeto TCGA: Expressão Gênica (dados originais e normalizados)

Dados simulados: Réplica #1

Boxplot dos dados de Expressão para os 12.004 fragmentos

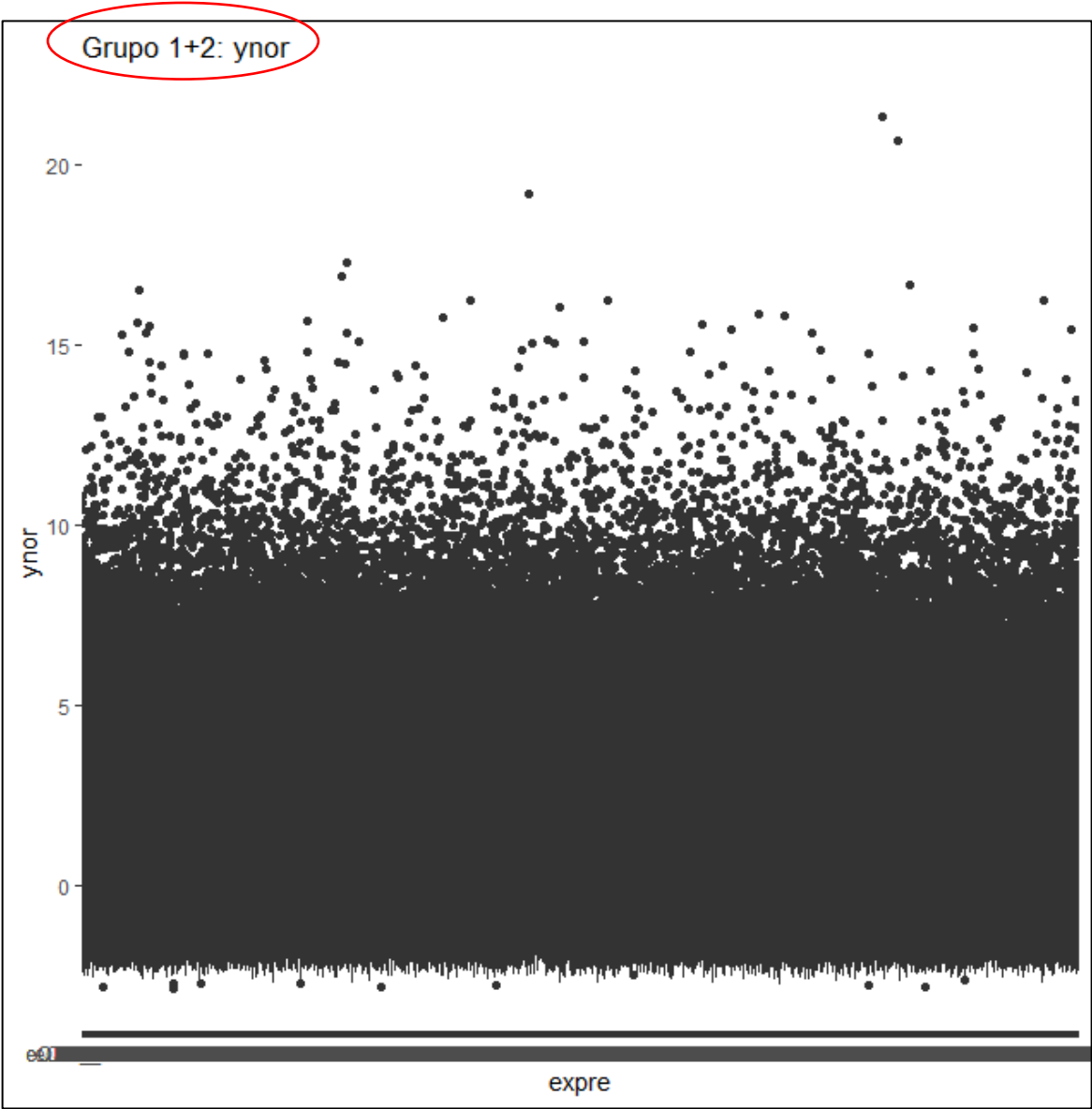
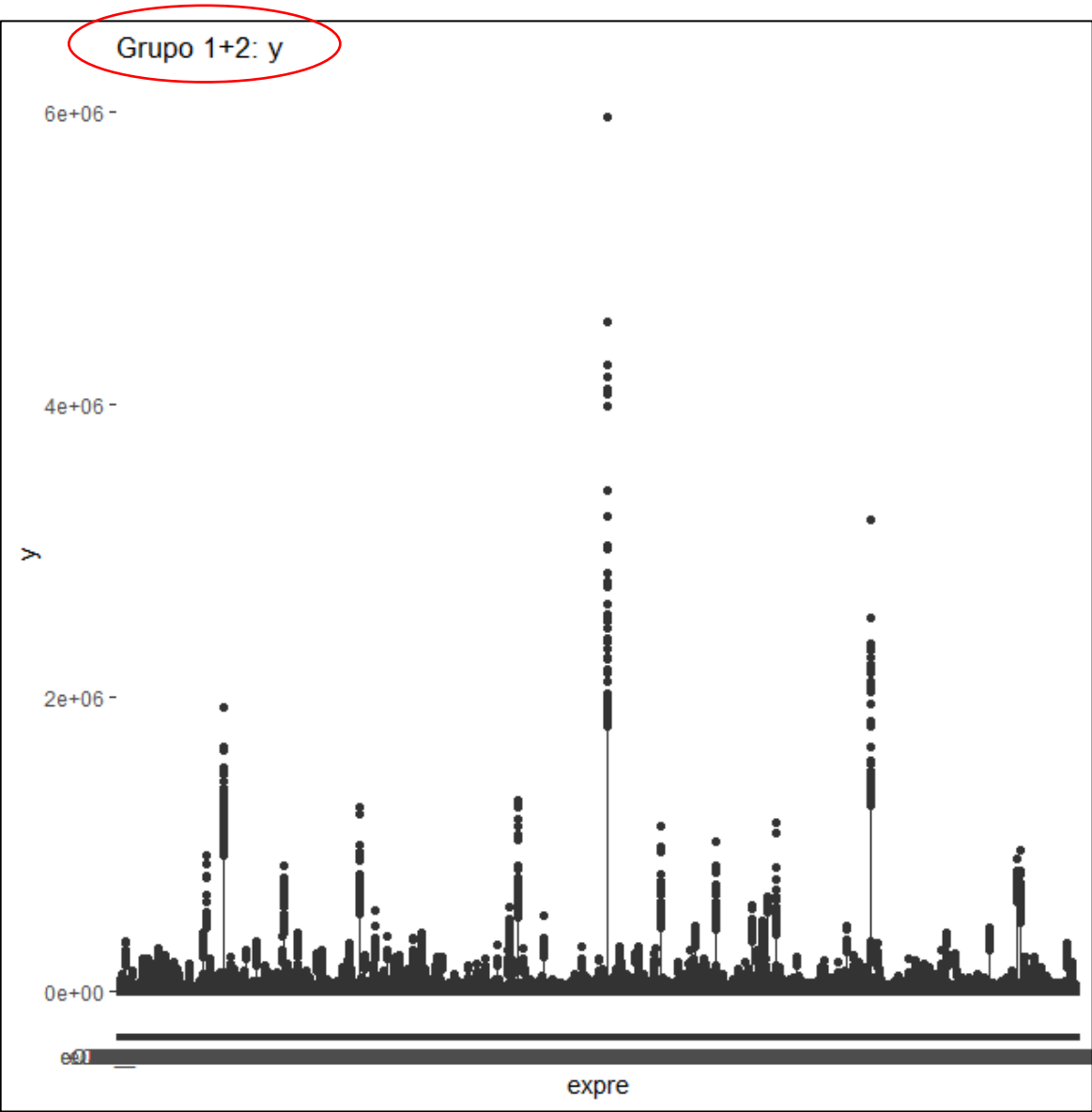


A distribuição das expressões gênicas entre os diferentes fragmentos cromossômicos é bastante heterogênea.

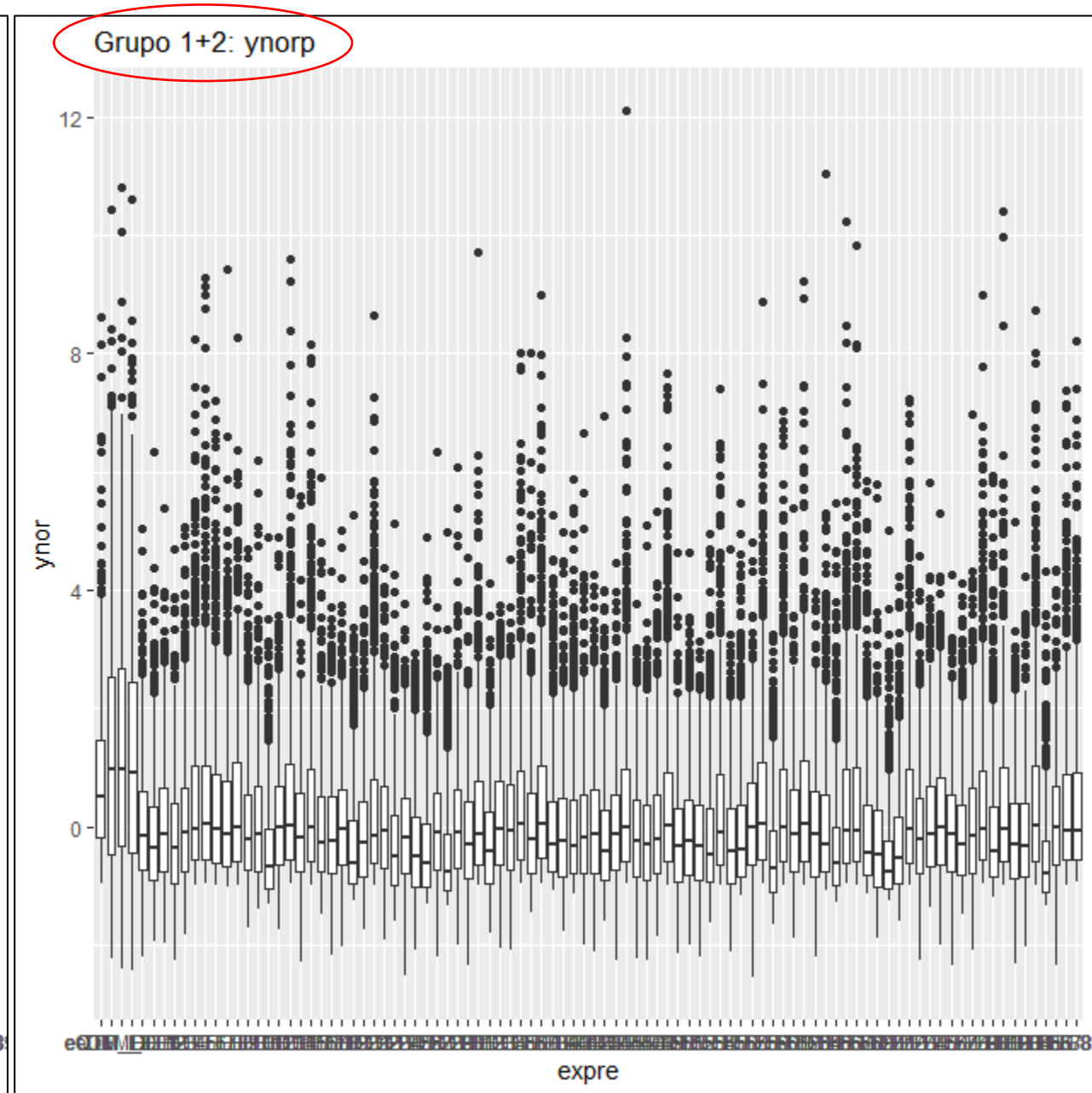
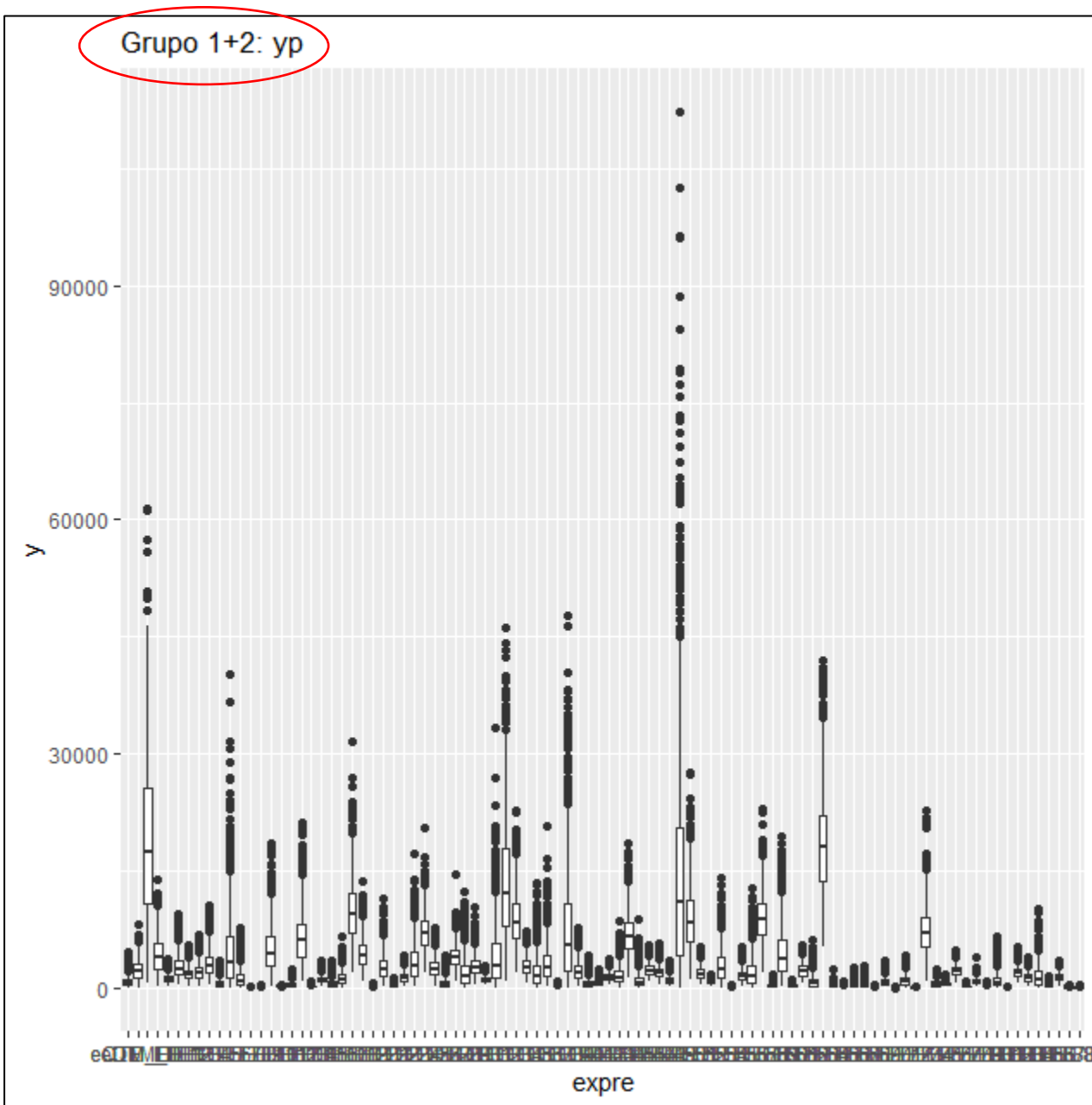
⇒ logo, o efeito de “grupo” (expressão diferencial entre Casos e Controles) não pode ser comparável entre os fragmentos genômicos!

⇒ Necessidade de normalizar os dados de expressão!

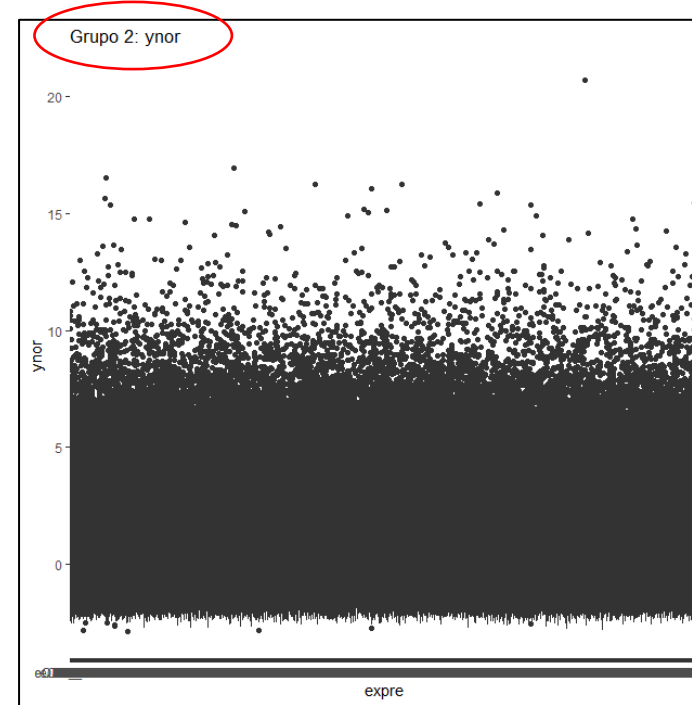
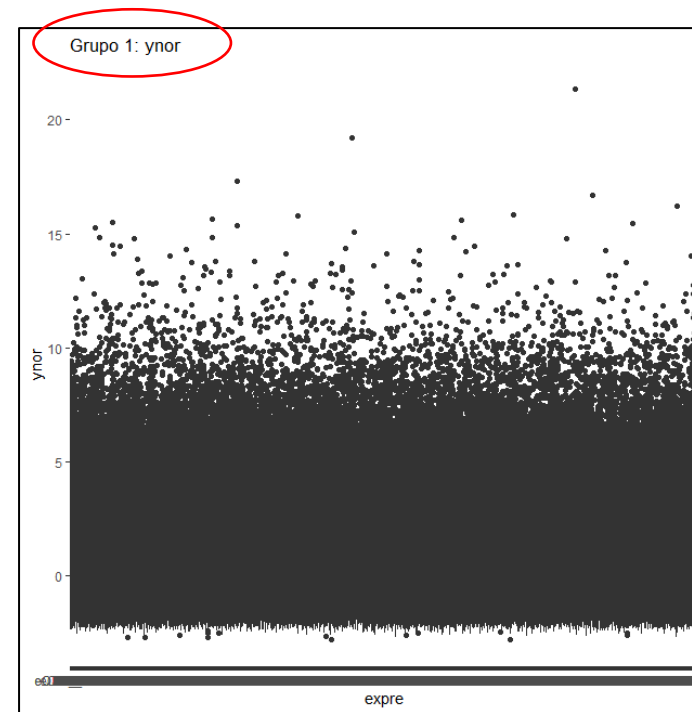
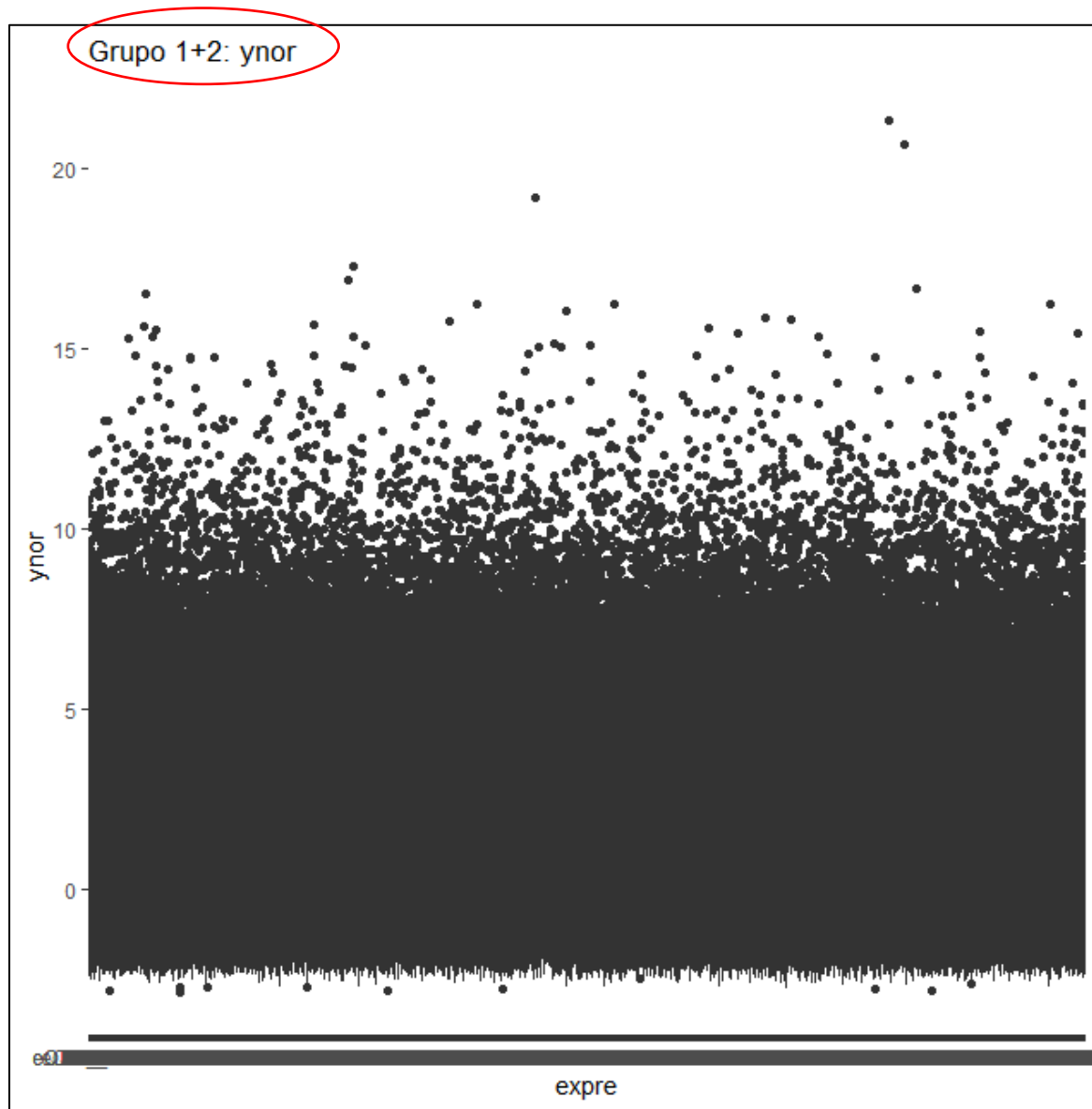
A normalização dos dados (transformação) tornou a distribuição das expressões mais homogênea entre os fragmentos estudados, permitindo a comparabilidade do efeito de grupo.



Boxplot dos dados para os 100 primeiros fragmentos

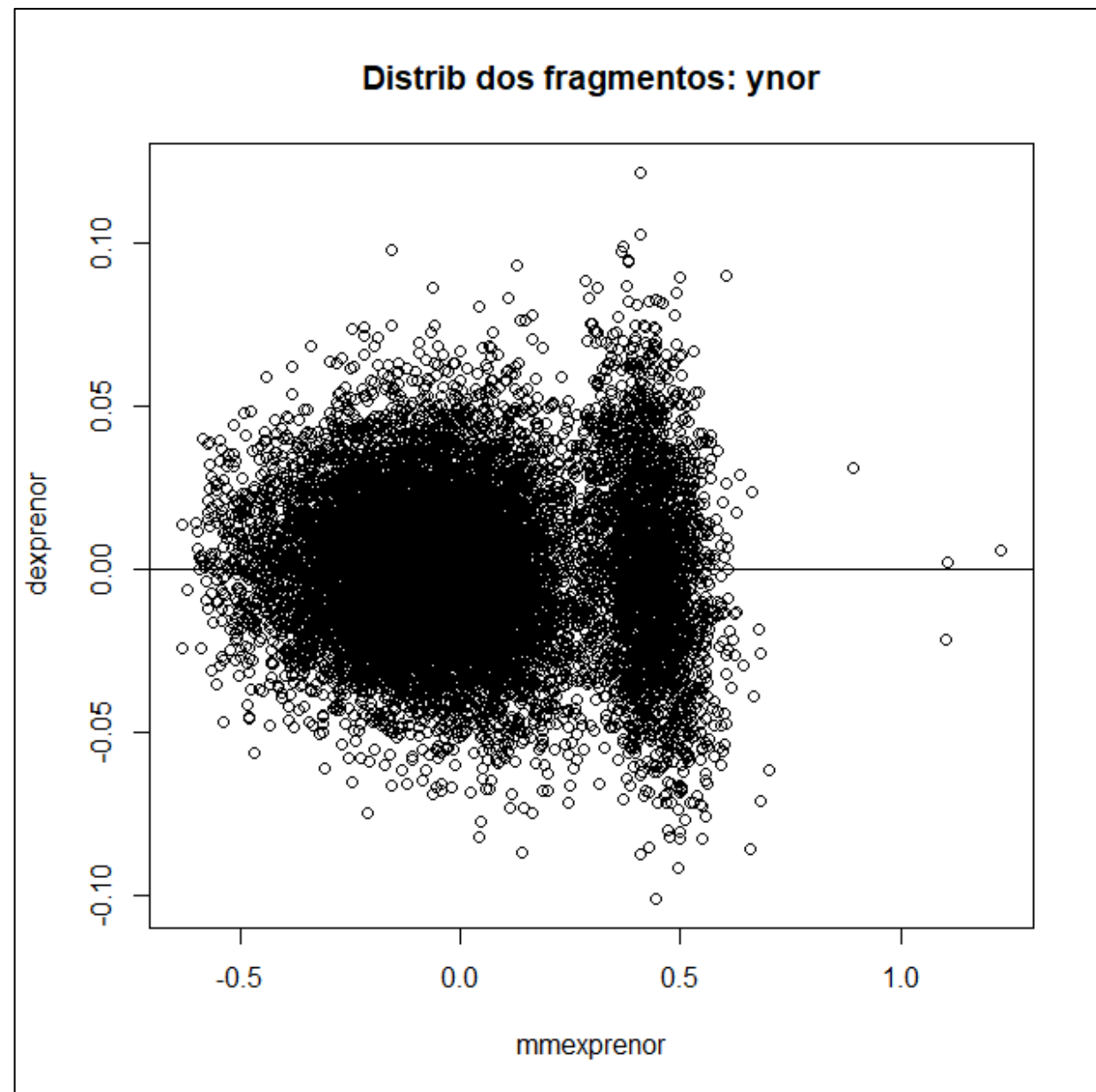
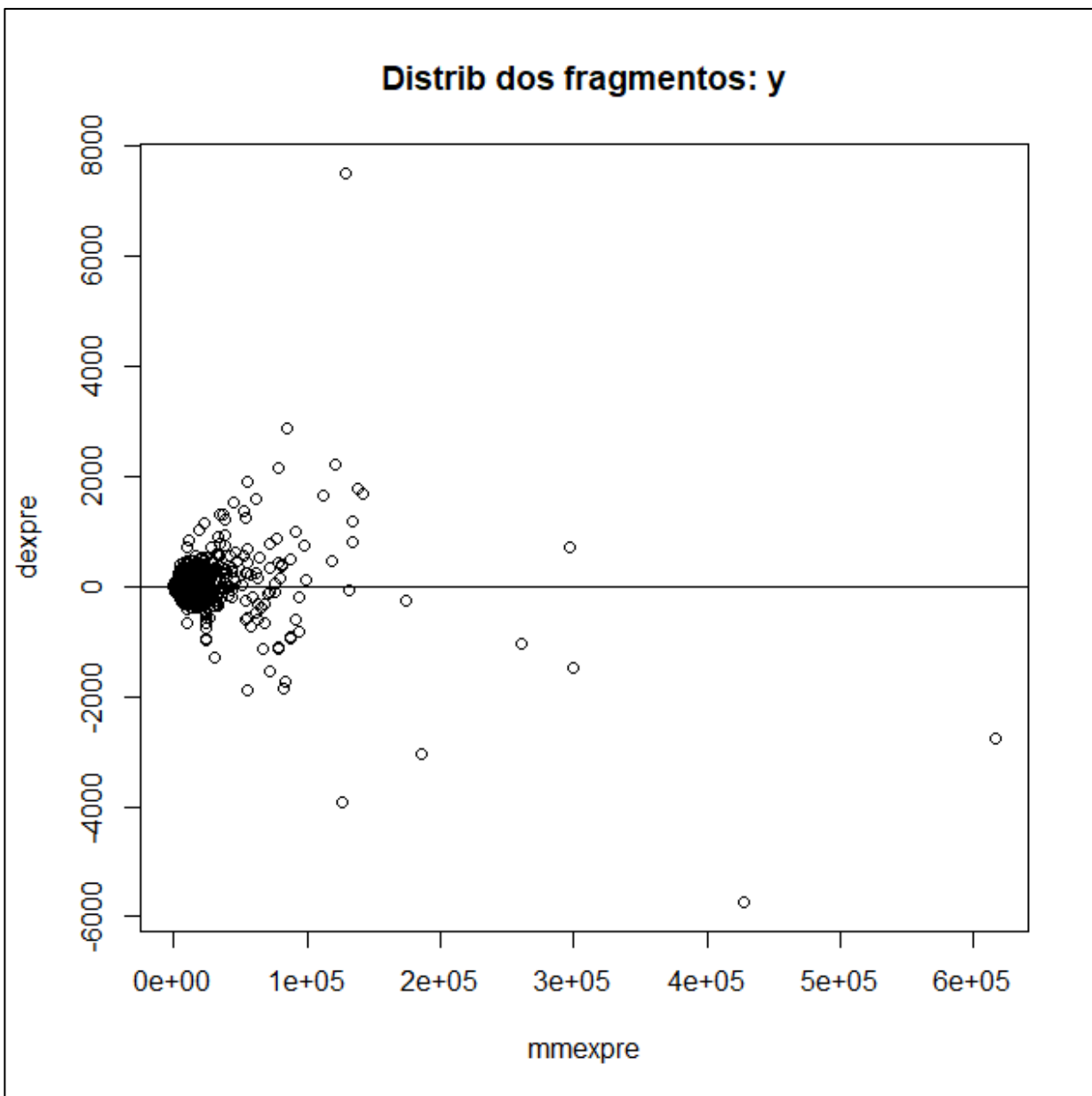


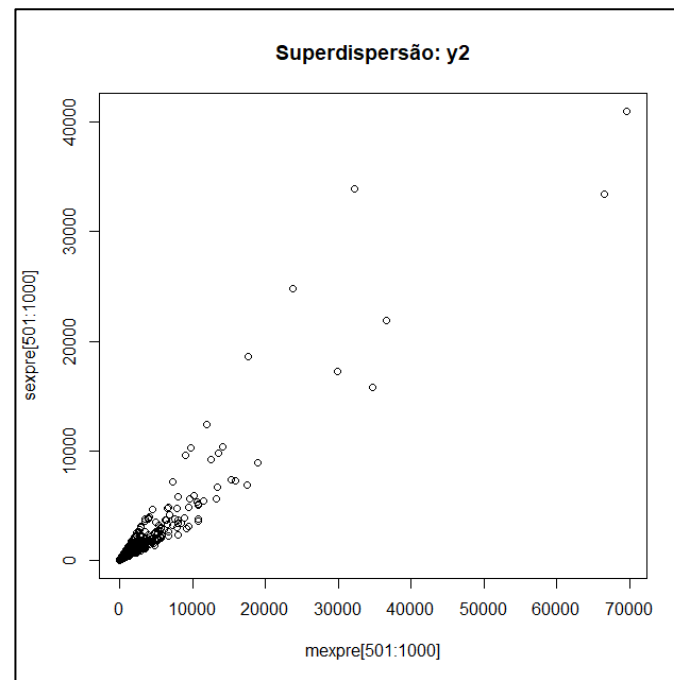
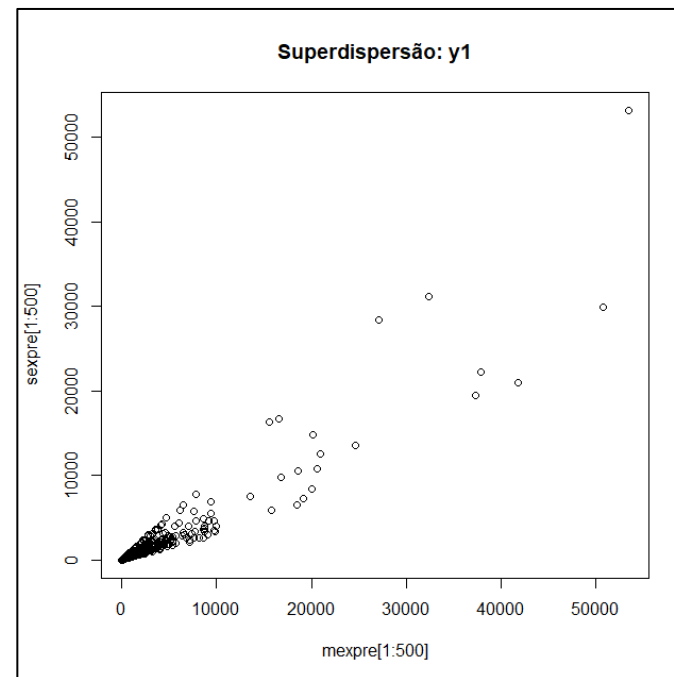
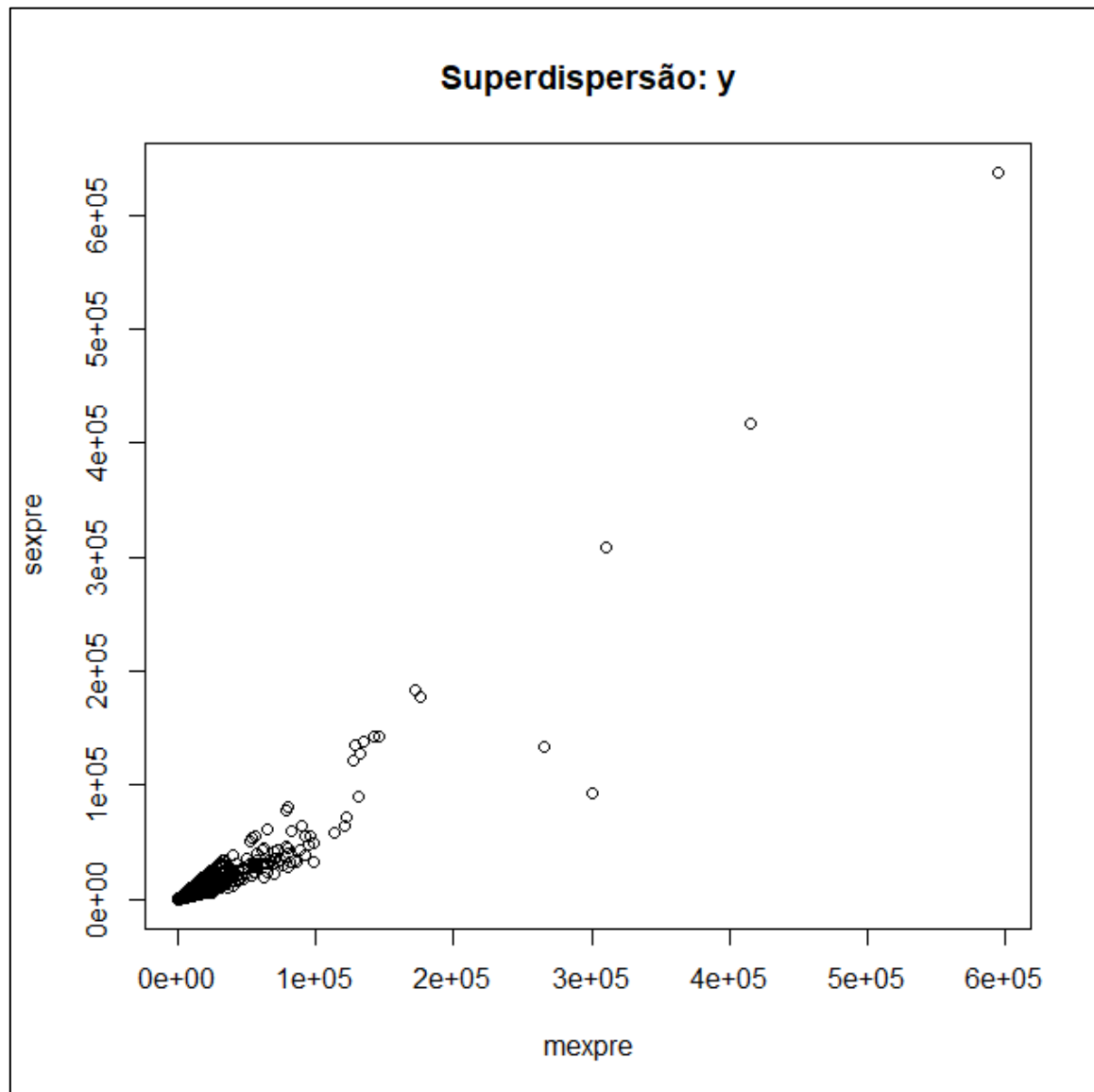
Boxplot dos dados normalizados para os 12004 fragmentos



Impacto da Normalização dos dados de Expressão

Gráfico MxA: Diferença entre médias dos grupos (dexpre) vs Média dos grupos (mmexpre)



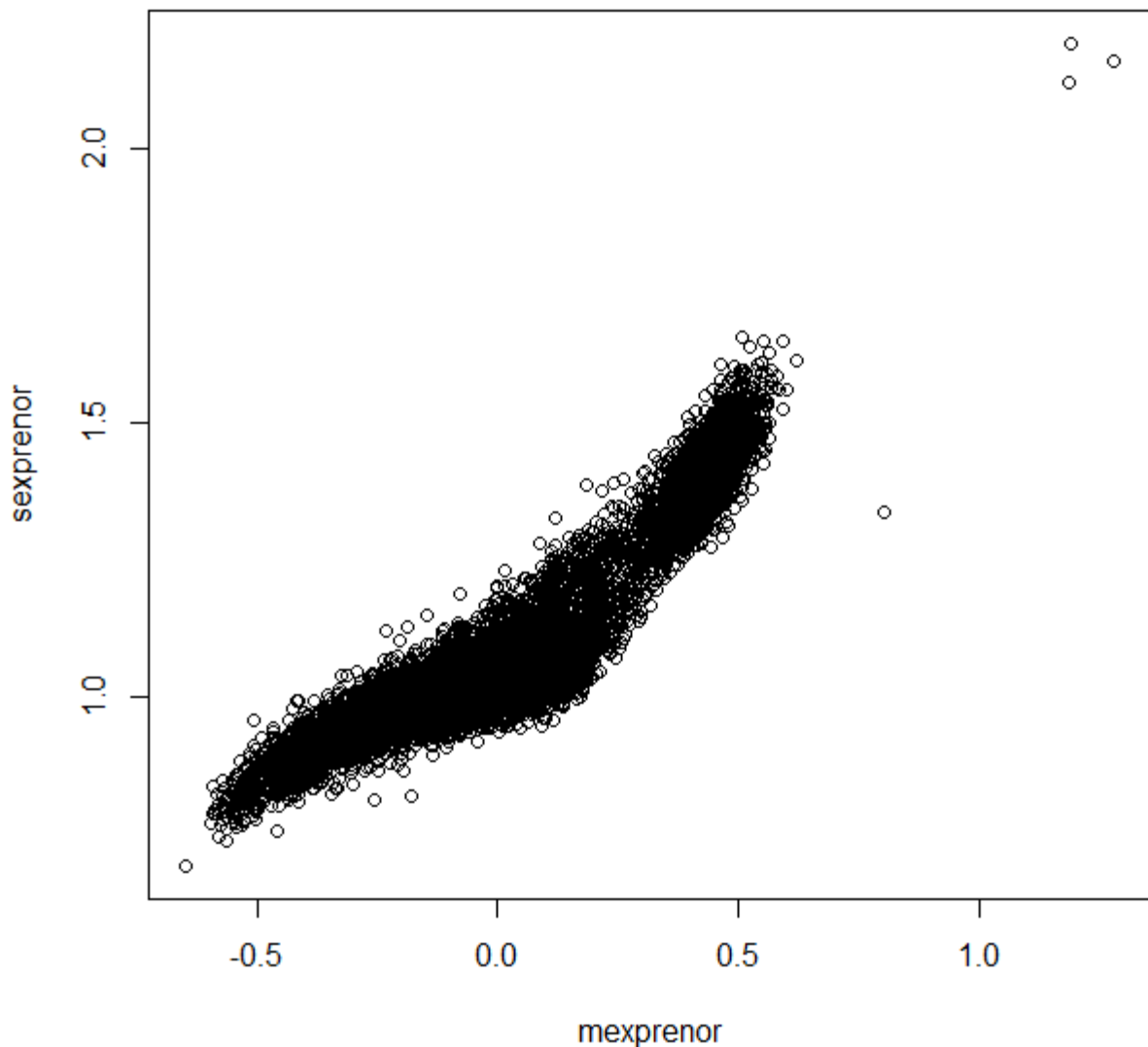


Dados originais

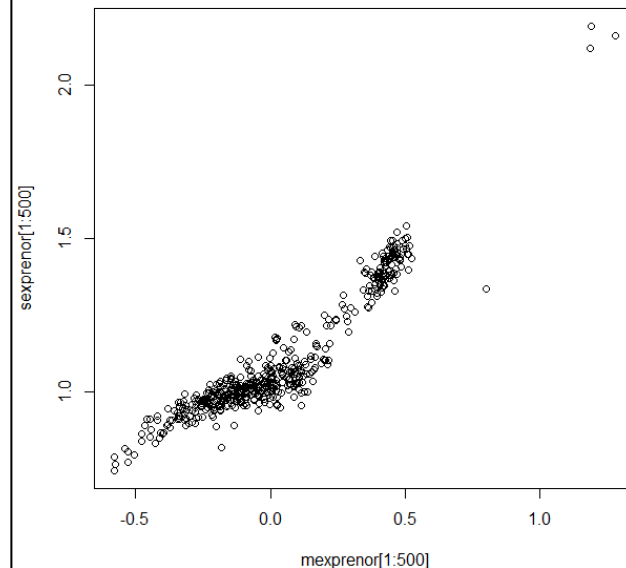
Análise exploratória:
caracterização da média
e desvio padrão das
respostas de expressão
para os 12.004
fragmentos
cromossômicos.

Aspecto de “funil”: não
somente há uma
dependência entre as
médias e desvios padrão
mas, conforme a média
da resposta aumenta, a
variabilidade entre os
fragmentos também
aumenta.
(esse padrão dificulta a
comparabilidade entre
os fragmentos)

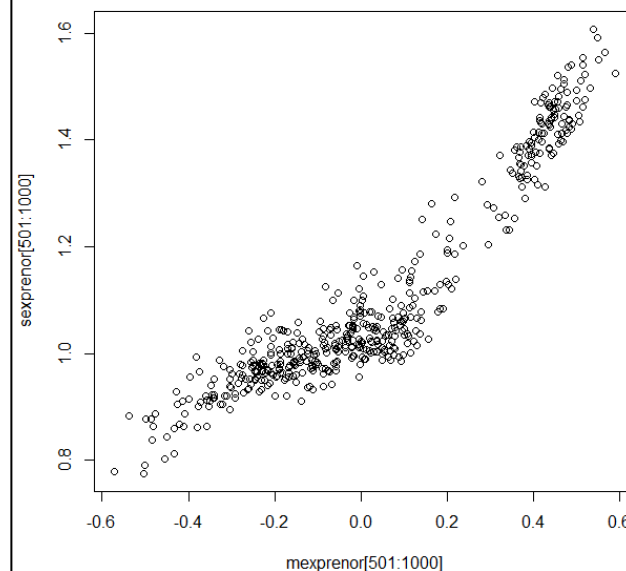
Superdispersão: ynor



Superdispersão: ynor1



Superdispersão: ynor2



Dados normalizados

Análise exploratória:
caracterização da
média e desvio padrão
das respostas de
expressão
normalizadas para os
12.004 fragmentos
cromossômicos.

O aspecto de “funil”
esapareceu com a
normalização dos
dados (a variabilidade
entre fragmentos com
a mesma expressão
média permanece
constante)

Maapeamento dos fragmentos significantes: expressão diferencial entre os grupos
(correção para múltiplos testes)

Manhattan (y): Expressão diferencial (bf)

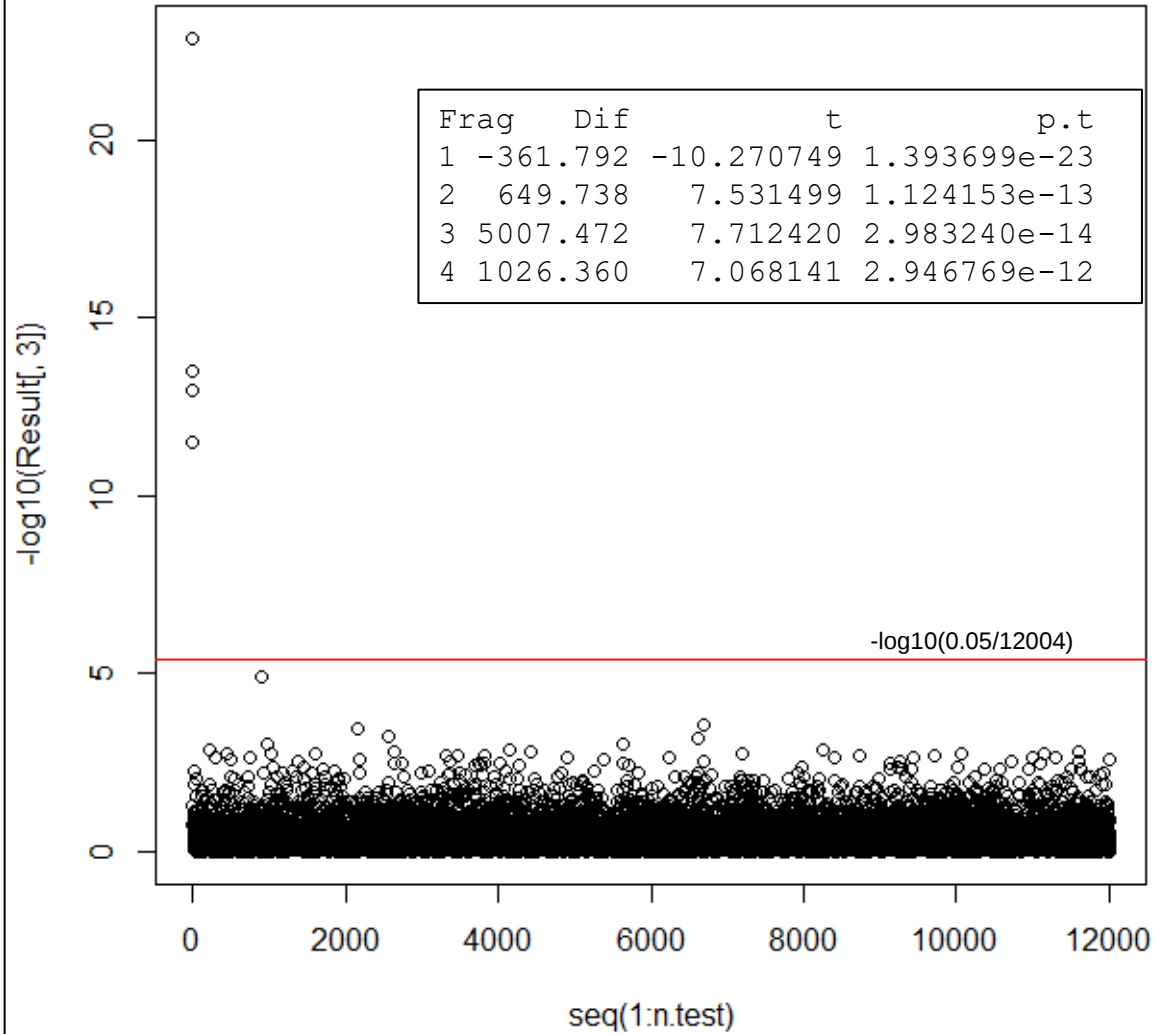
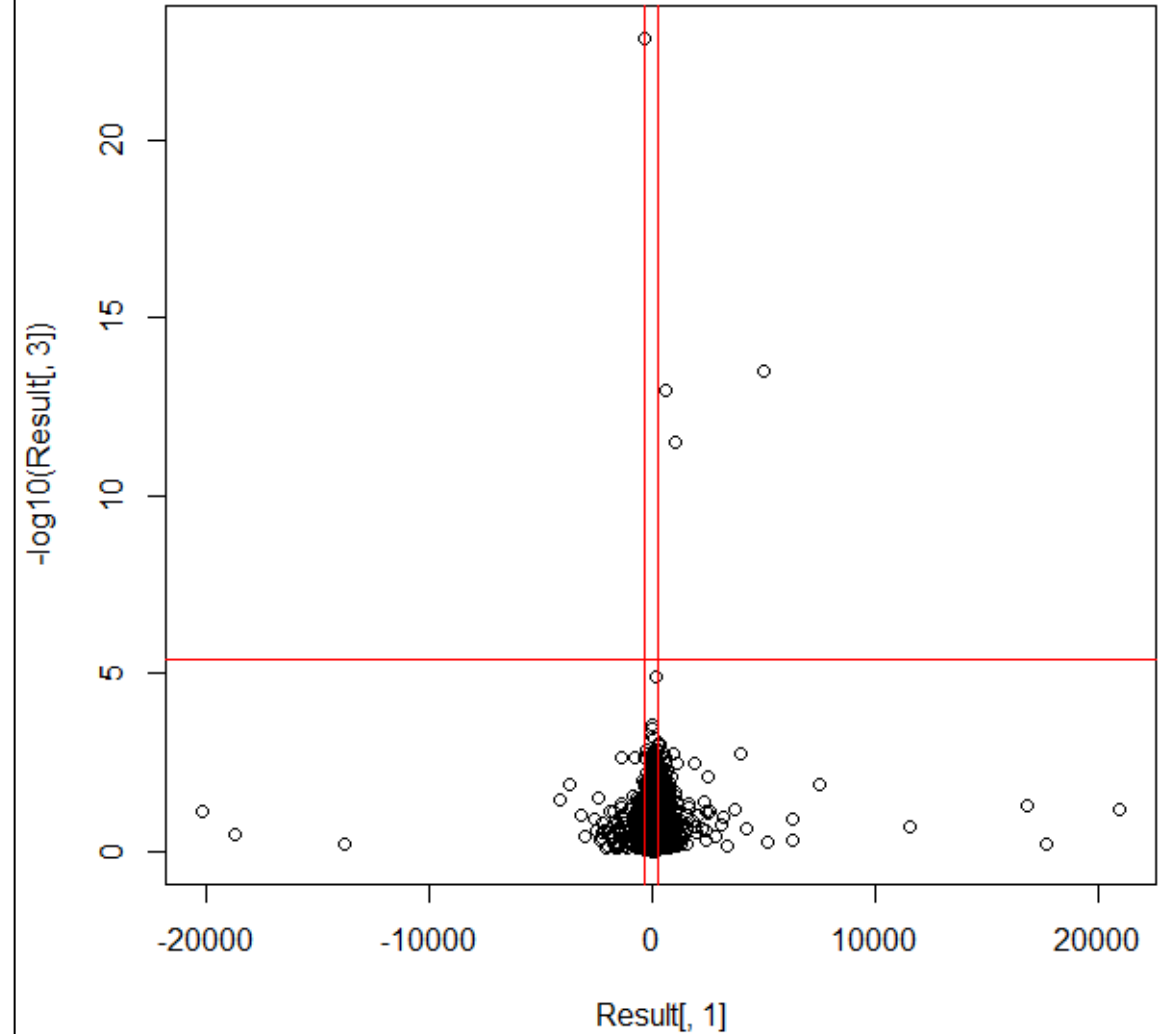
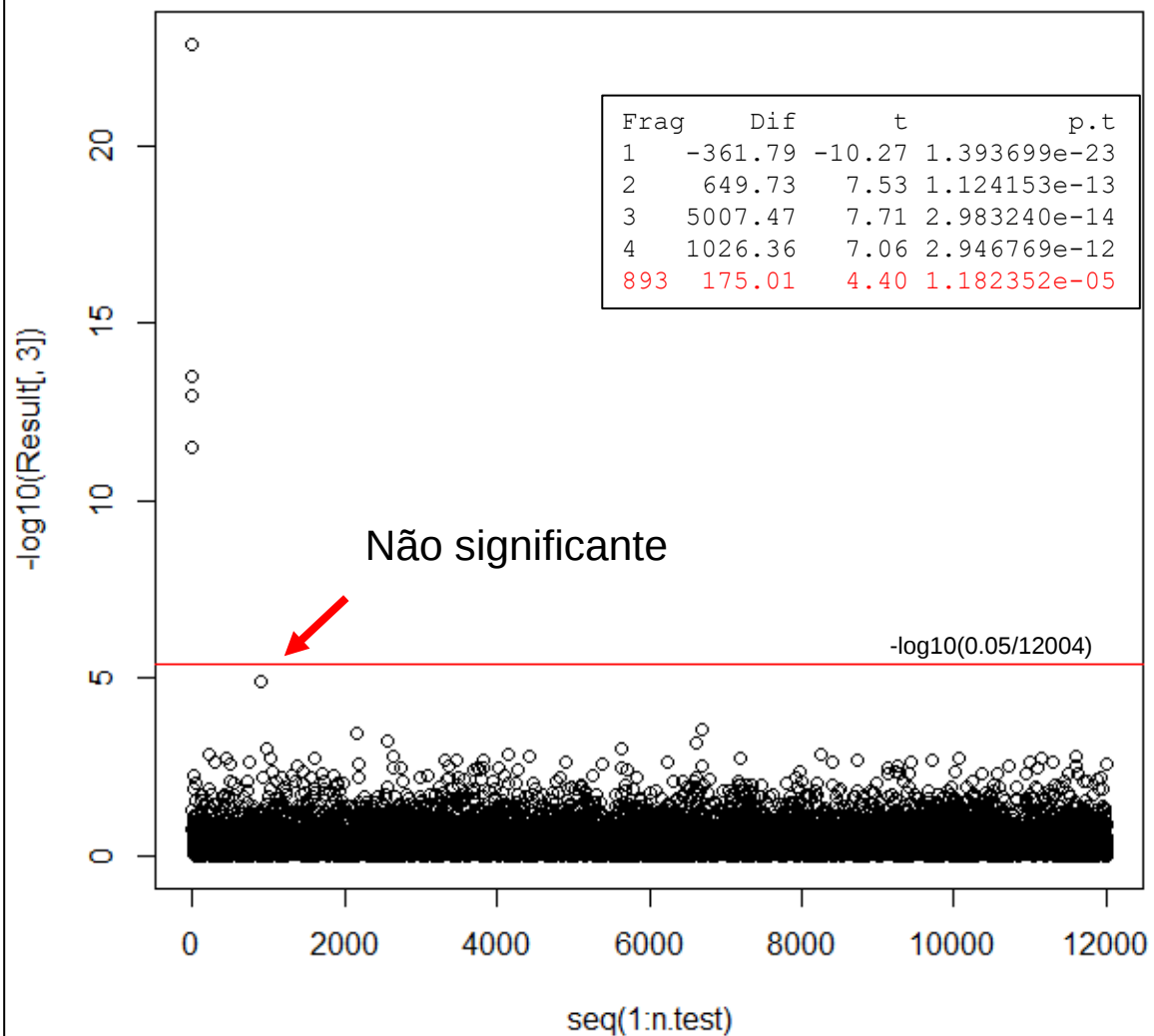


Gráfico Vulcão (y): Expressão diferencial (bf)

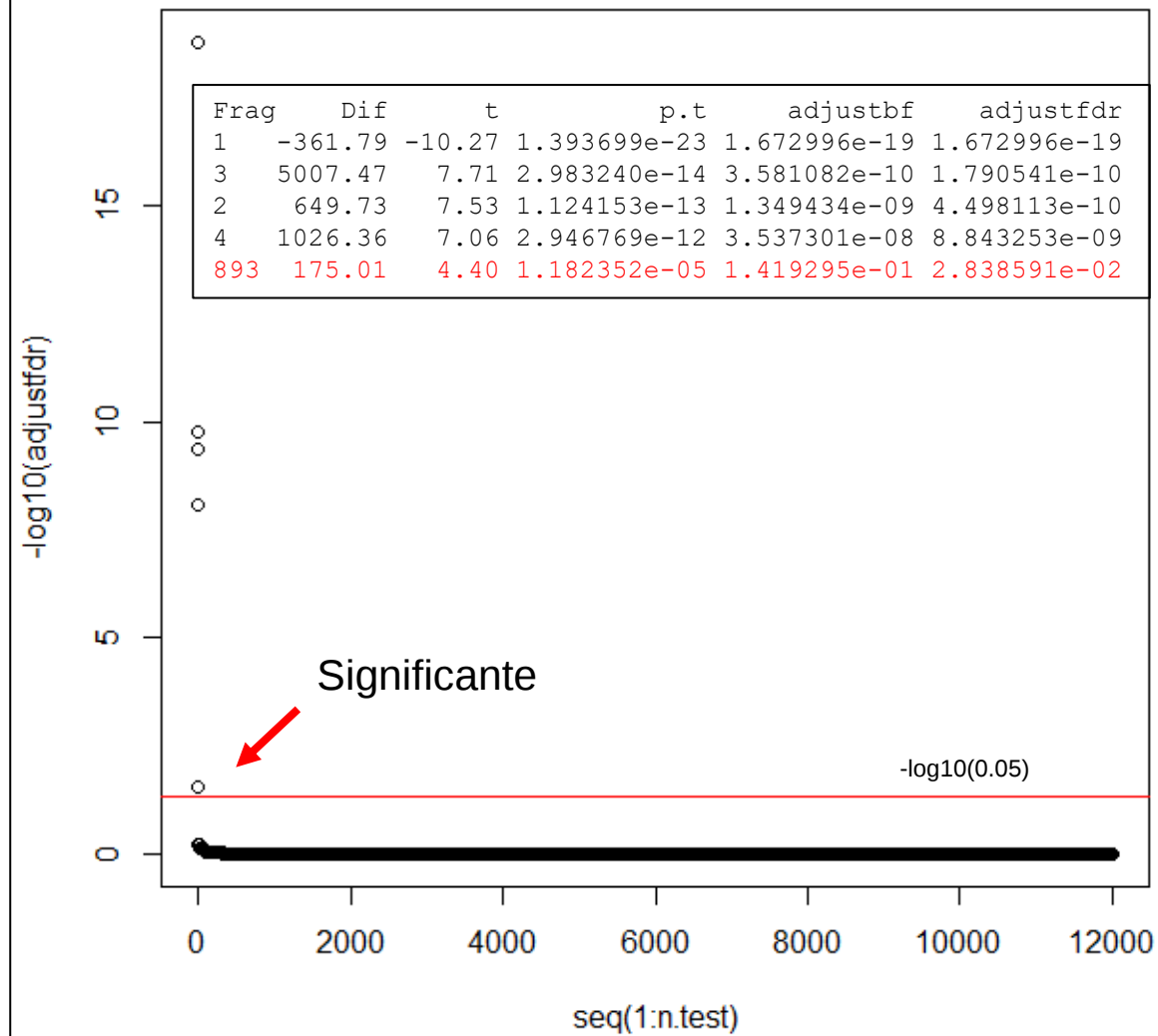


Maapeamento dos fragmentos significantes: expressão diferencial entre os grupos (correção para múltiplos testes)

Manhattan (y): Expressão diferencial (bf)



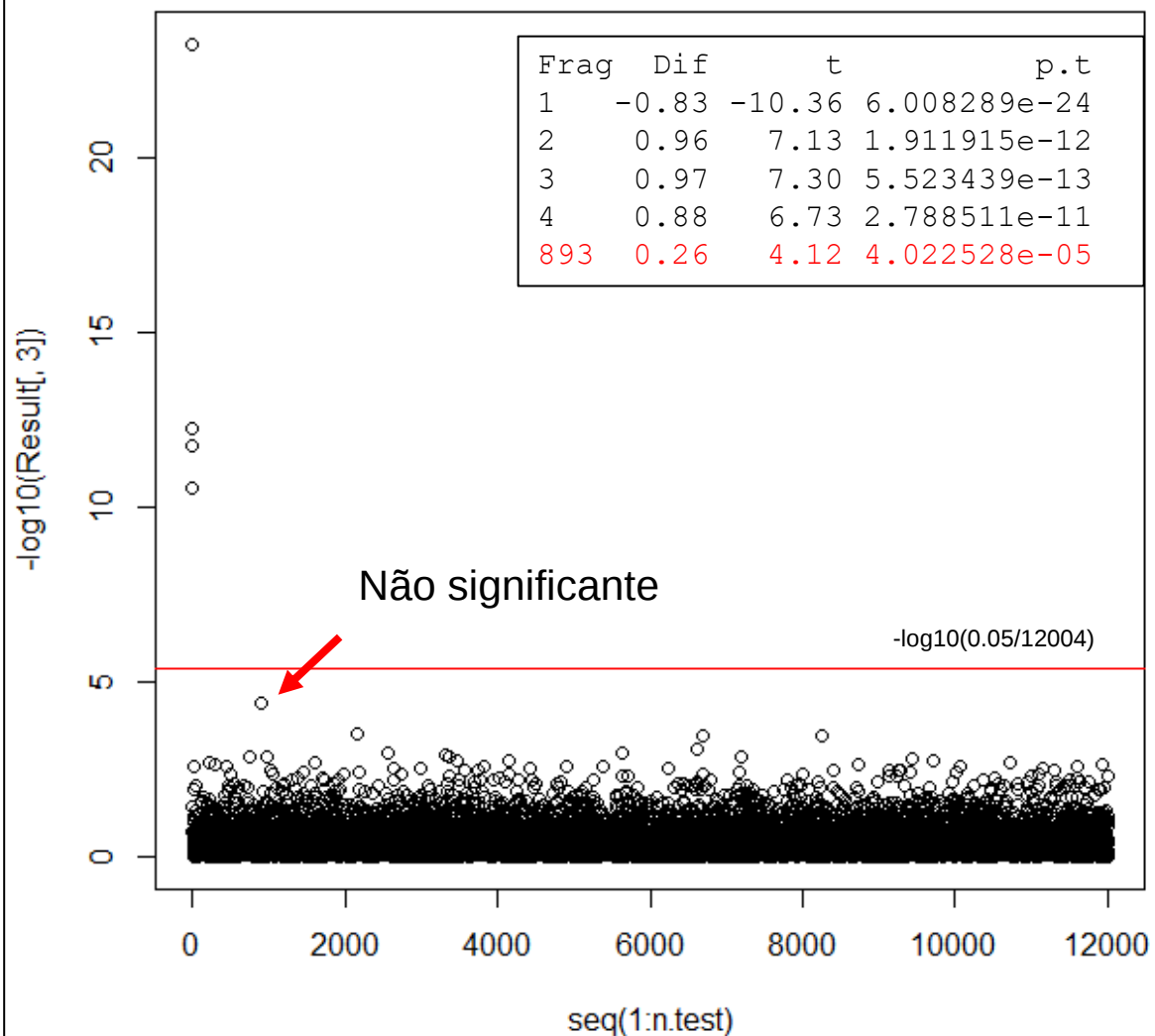
Manhattan (y): Expressão diferencial (fdr)



Maapeamento dos fragmentos significantes: expressão diferencial entre os grupos
(correção para múltiplos testes)

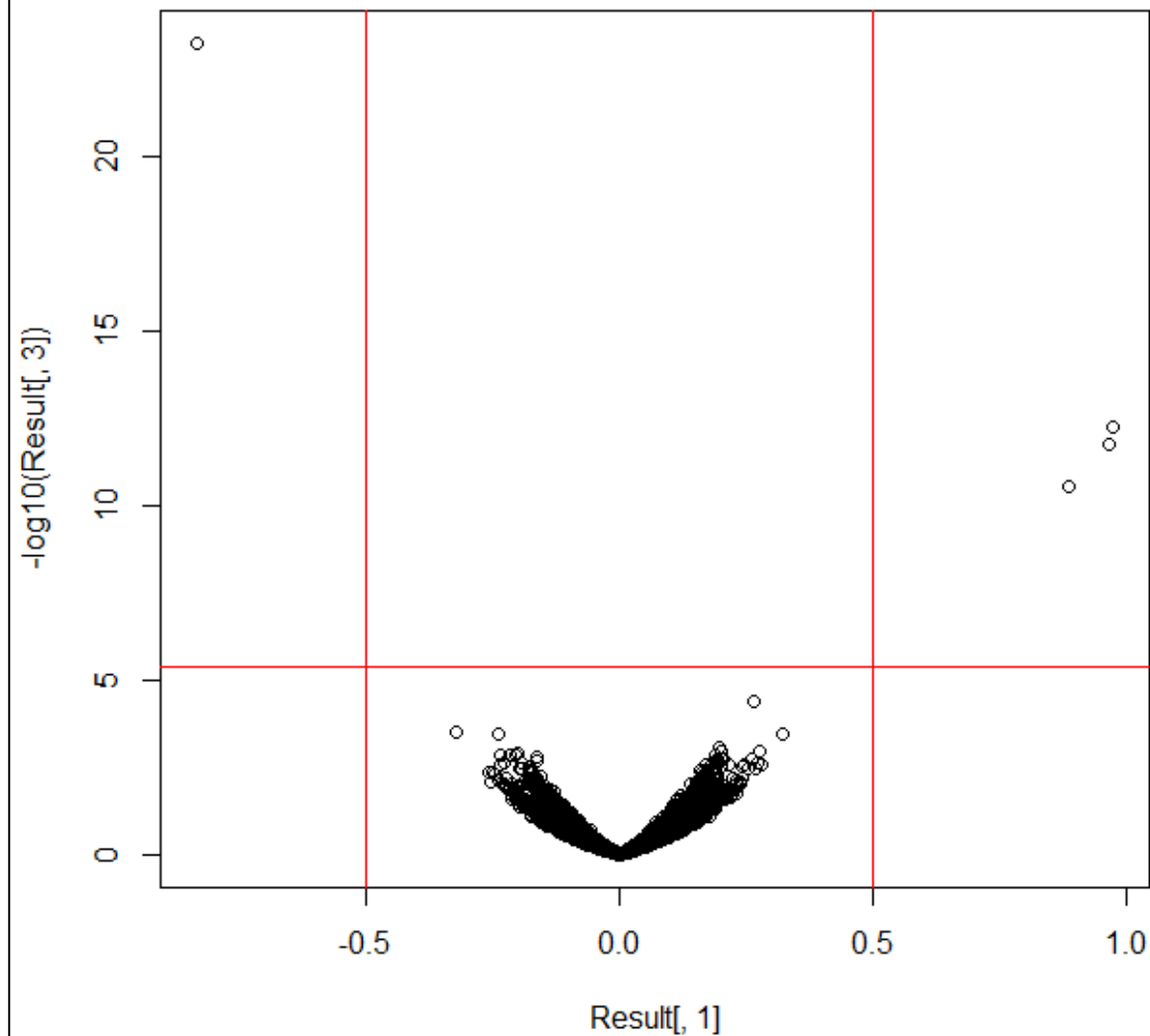
**Análise
recomendada!**

Manhattan (ynor): Expressão diferencial (bf)



**Análise
recomendada!**

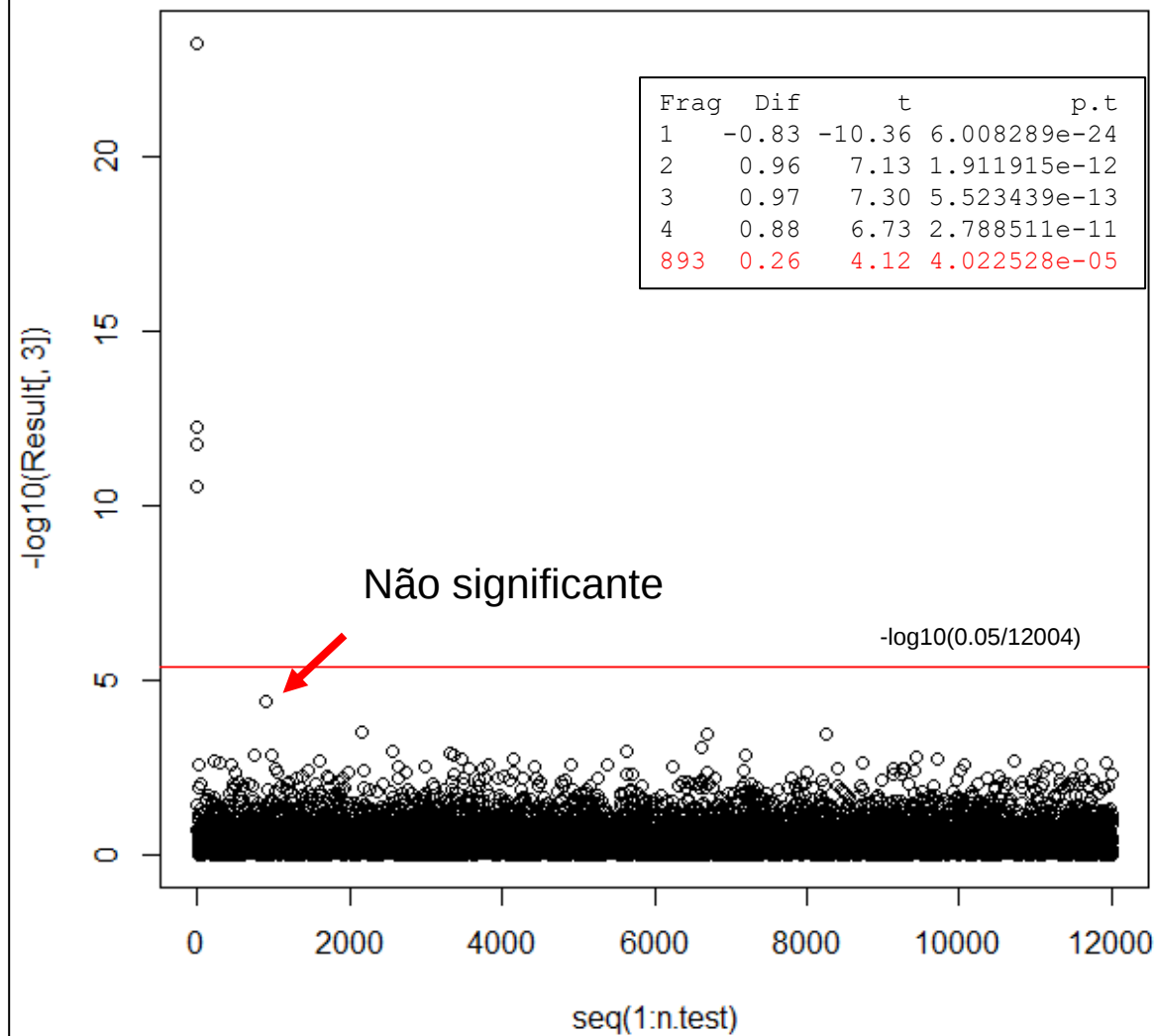
Gráfico Vulcão (ynor): Expressão diferencial (bf)



Mapeamento dos fragmentos significantes: expressão diferencial entre os grupos
(correção para múltiplos testes)

Análise
recomendada!

Manhattan (ynor): Expressão diferencial (bf)



Análise
recomendada!

Manhattan (ynor): Expressão diferencial (fdr)

