

Affymetrix cdf files

Popis formátu cdf file:

<http://dept.stat.lsa.umich.edu/~kshedden/Courses/Stat545/Notes/AffxFileFormats/cdf.html>

Stiahnutie cdf ku konkrétnej platforme (hg-u133-plus)

<http://www.affymetrix.com/support/technical/byproduct.affx?product=hg-u133-plus>

`BiocInstaller::biocLite("hgu133a2cdf")` - instalacia platformy uz existujucej

`BiocInstaller::biocLite("makecdfenv")` - nastroj na vytvorenie prostredia k akejkolvek platforme (nutno mat cdf file)

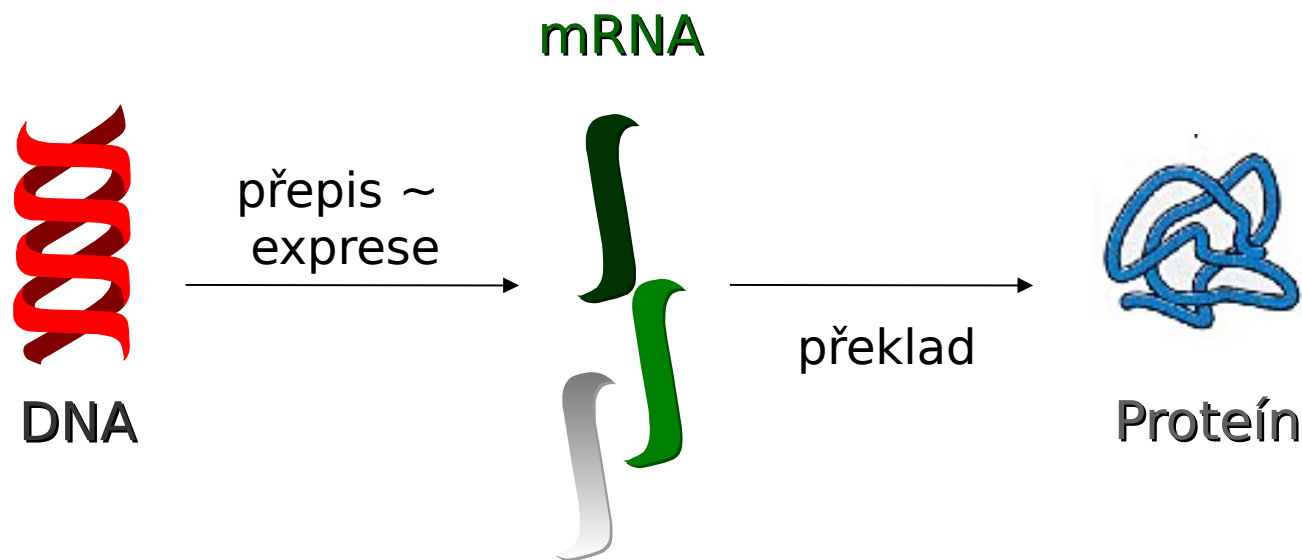
Krátký úvod metacentrum

https://wiki.metacentrum.cz/wiki/How_to_compute/Accessing_machines/From_Window

Kapitola III.

Společné principy analýzy genomických a proteomických dat

Genová exprese



- Gen je exprimovaný, pokud se *přepisuje* do mRNA
- Pokud se gen přepisuje, znamená to, že je aktivní
- Aktivitu genu můžeme měřit měřením množství příslušné mRNA v buňce

Tradiční schémata analýzy I.

- Každý experiment má odlišné cíle, v závislosti od typu dat a zájmů výzkumníků, ale existují tradiční schémata které se opakují:
- *Učení s učitelem (supervised learning)*

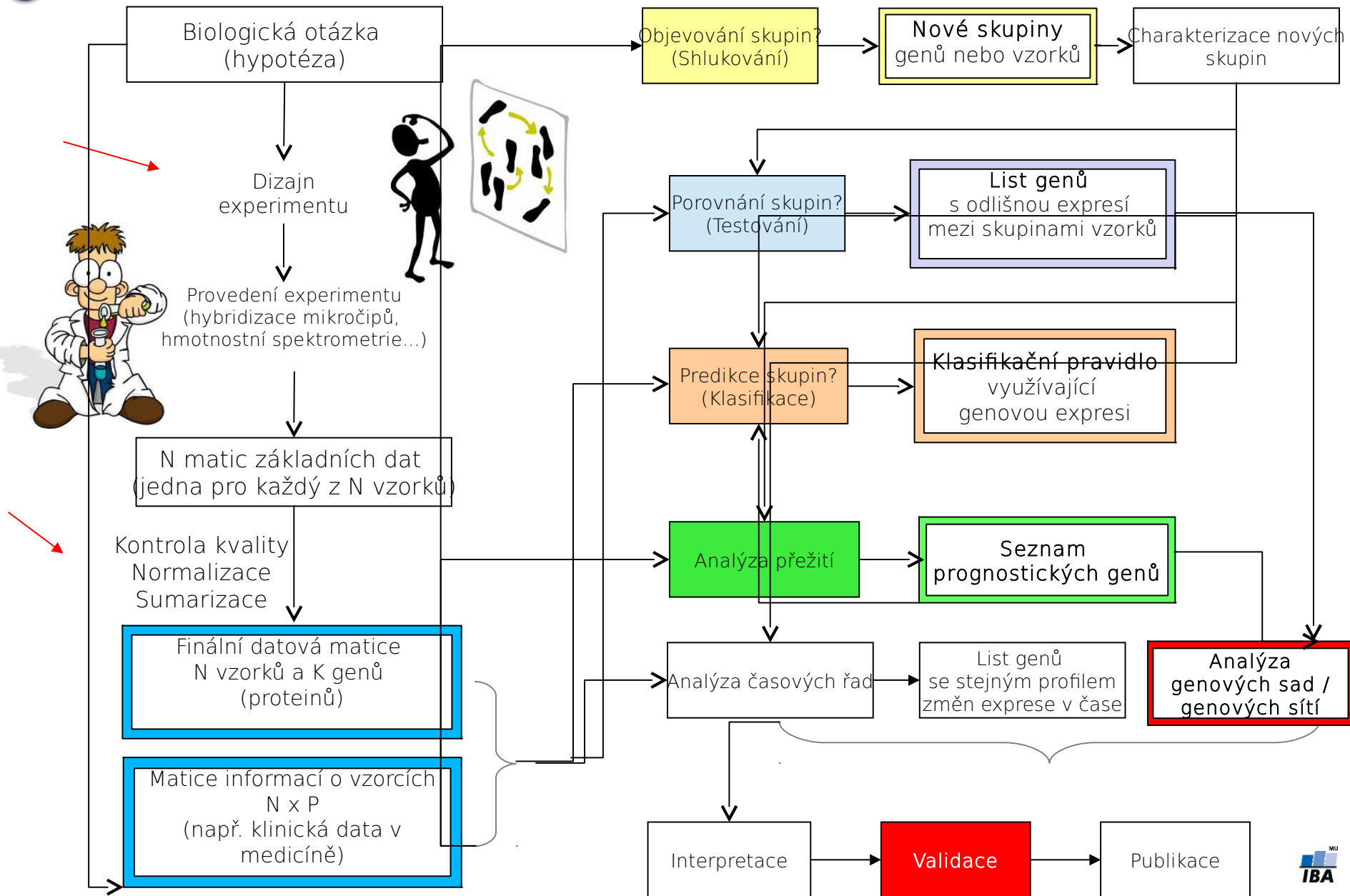
Známa struktura dat musí být zevšeobecněná na nové data

- **Porovnávání skupin (class comparison)**
 - hledáme rozdíly v expresi, v počtě kopií či struktúře genů/proteinů mezi už *definovanými skupinami*
- **Předpovídání skupin (class prediction)**
 - *na známých skupinách* se snažíme vytvořit klasifikátor, který by dokázal *zařadit nového pacienta* do jedné ze skupin

Tradiční schémata analýzy II.

- *Učení bez učitele (unsupervised learning)*
 - Objevování skupin (class discovery)
 - *Struktura v datech není známa, je potřebné ji vytvořit, objevit!*
 - Na základě informací o genech/proteinech *hledáme nové skupiny*
 - Příklady:
 - Existují nějaké soubory genů které se exprimují stejně ve všech podmínkách?
 - Onemocnění X je velmi heterogenní. Můžeme identifikovat specifičtější podtypy, které by mohli být cílem cílené terapie?

Společná schéma analýzy dat



Kapitola V.1. Porovnávání skupin

Příklady porovnávání skupin

- Pokud chceme zjistit
 - jaké geny jsou aktivní/neaktivní
 - jaký je rozdíl v přítomných proteinech mezi dvěma nebo více skupinami:
 - nemocní vs. zdraví pacienti
 - pacienti před vs. po terapii
 - pacienti v čase diagnózy a v čase relapsu
 - bakterie v aerobním vs. anaerobním prostředí
 - druh 1 vs. druh 2
 - porovnáváme podtypy onemocnění

Základní metody pro porovnávání

Můžeme rozdělit do tří hlavních skupin:

- Metody studující velikost efektu změny mezi skupinami
- Testování hypotéz
- Regresní strategie

Základní metody pro porovnávání

Můžeme rozdělit do tří hlavních skupin:

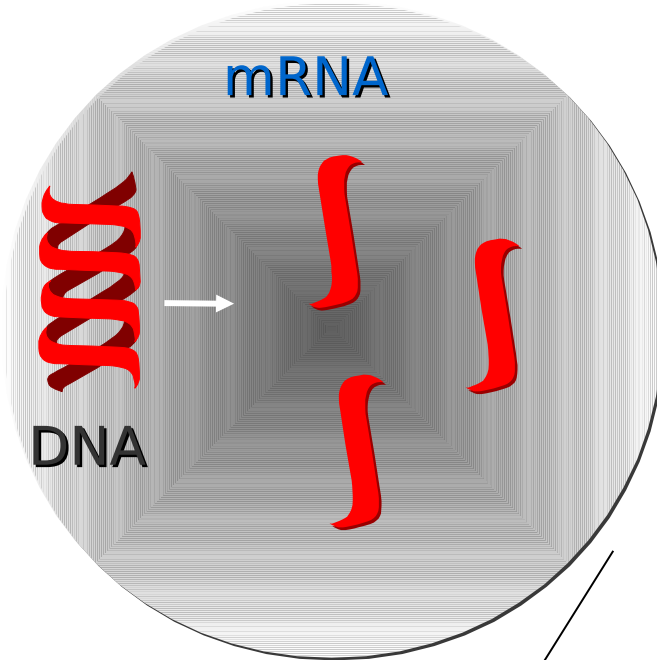
- Metody studující velikost efektu změny mezi skupinami
- Testování hypotéz
- Regresní strategie

Velikost efektu / změny II.

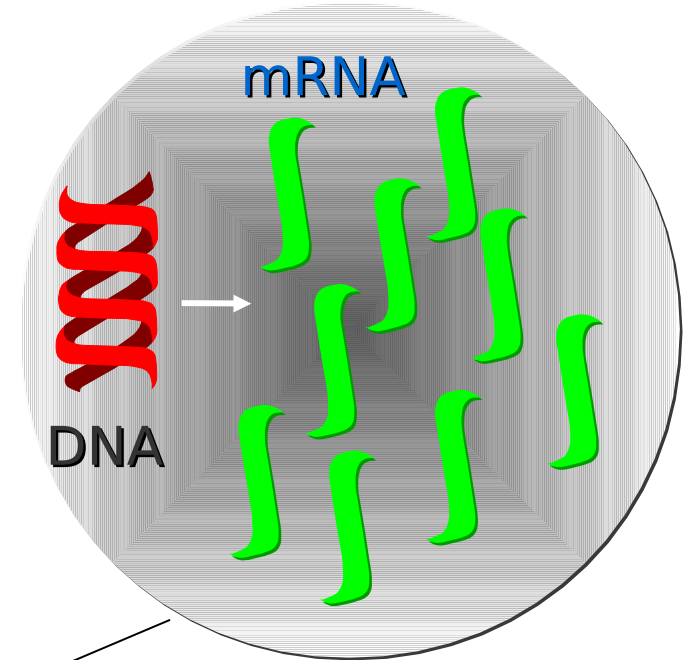
1. Porovnává se poměr průměrů/mediánů jedné a druhé skupiny: $\text{mean}(X)/\text{mean}(Y)$.
2. Stanoví se fixní dělicí hranice, které určují, jaká velikost efektu je pro nás zajímavá
 - Příklad: genová exprese, $\text{mean}(X)/\text{mean}(Y)$, kde X a Y jsou genové exprese ve skupinách. Použitá hranice: 2!
 - Výhody:
 - jednoduché

Velikost efektu / změny III.

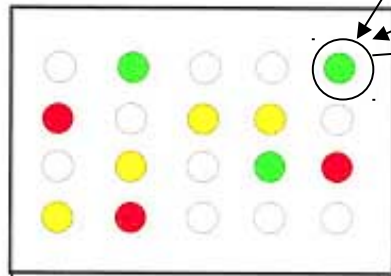
Skupina A. Zdravá tkáň



Skupina B. Nádor



- Sample A > B
- Sample A = B
- Sample B > A



$$9/3 = 3$$

Gen g_1 je 3x více exprimován v nádoru, než ve zdravé tkáni

Velikost efektu / změny IV.

- Nevýhody:
 - I menší změny mohou být biologicky významné (malý efekt genu/proteinu může být znásobený kooperací více genů v dráze)
 - Data jsou ovlivněné technickou a biologickou variabilitou:
 - Co pokud máme 1.9?
 - Poměry mohou být vychýlené směrem k nule (například u nádorů s příměsí normálních buněk ve vzorce)
 - Neberou do úvahy variabilitu!



Testování hypotéz

Základní metody pro porovnávání

Můžeme rozdělit do tří hlavních skupin:

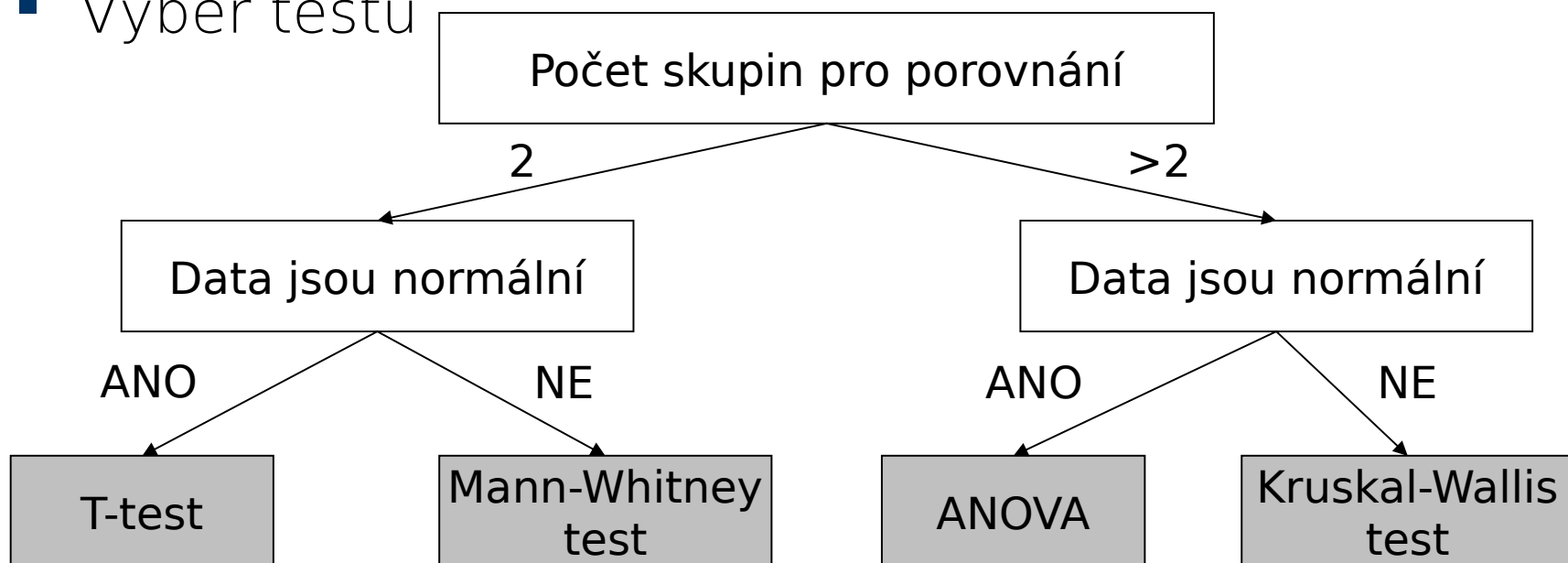
- Metody studující velikost efektu změny mezi skupinami
- Testování hypotéz
- Regresní strategie

Testování hypotéz

- *Klademe si otázku: Je aktivita/množství proteinu/genu ve skupině A odlišné od průměrné aktivity/množství proteinu/genu ve skupině B?*



- Na každý protein/gen aplikujeme statistický test, kterým získáme T_g statistiku a příslušné p -hodnoty
- Výběr testu



Testování hypotéz II.

Testuje se

- *Nulová hypotéza (H_0):*

Gen / protein není odlišně exprimovaný mezi skupinami versus

- *Alternativní hypotéza (H_1):*

Gen je odlišně exprimovaný mezi skupinami

→ Na základě našich dat musíme rozhodnout, co je pravda

- Nulovou hypotézu zamítneme jen pokud existuje *dostatečně silná evidence*, že je neplatná

- Evidence – statistika a p-hodnota!

T-statistika I.

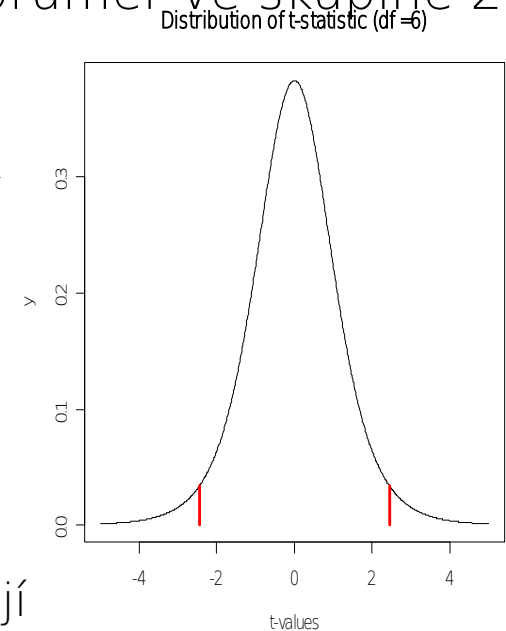
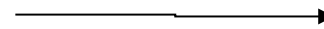
- Abychom rozhodli, která hypotéza je pravdivá, sumarizujeme data do jednoho čísla
- V testování hypotéz se toto číslo nazývá *statistika* (*T-statistika, Z-statistika, F-statistika...*)
- T-statistika porovnává signál se šumem
 - Signál = rozdíl průměrů ve skupinách (u microarray dat se jedná o $\log(\text{skupina 1}) - \log(\text{skupina 2}) = \log(\text{skupina 1}/\text{skupina 2})$)
 - Šum = směrodatná odchylka rozdílu (SD)
- $T = \log(\text{skupina 1}/\text{skupina 2})/SD$
- T hodnoty daleko od nuly indikují snížení a nebo zvýšení exprese v jedné ze skupin

T-statistika II.

- Dvouvýběrový **T-test** pro porovnání rovnosti dvou průměrů μ_1 , μ_2 :
 - Průměr exprese genu ve skupině 1 vs. průměr ve skupině 2

$$T_g = \frac{\mu_{g1} - \mu_{g2}}{s_g \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

variabilita →



- Pokud data mají normální rozložení a neexistuje rozdíl mezi skupinami, tak T-statistiky pocházejí z T-rozložení.
- p-hodnota = pravděpodobnost že dostaneme danou hodnotu T-statistiky nebo hodnotu větší, v případě, že neexistuje rozdíl mezi skupinami

$$p_g = \Pr(T_g \leq T)$$

- Dostatečně malá p-hodnota = významný rozdíl (silná evidence)

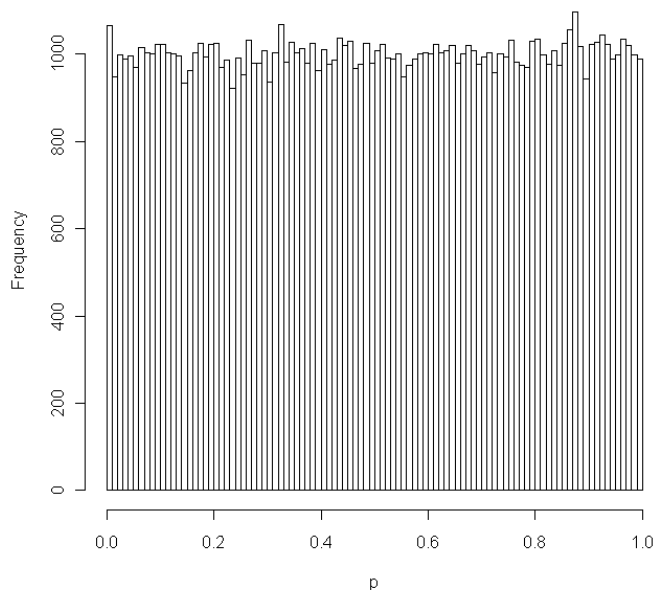
Testování hypotéz III.

	H0 nezamítneme	H0 zamítneme
H0 je pravdivá (gen není odlišně exprimovaný)	Pravdivá negativita (PN)	Falešná pozitivita (FP) Chyba I. druhu
H0 není pravdivá (gen je odlišně exprimovaný)	Falešná negativita (FN) Chyba II. druhu	Pravdivá pozitivita (PP)

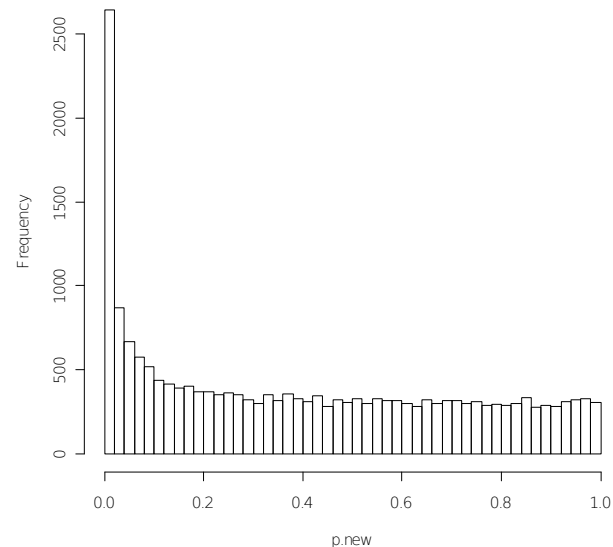
Testování hypotéz IV.

- Typické rozhodovací pravidlo:
 - Výpočet T-statistiky a p-hodnoty
 - Pokud $p < 5\%$, gen je označený za odlišně exprimovaný
- Důležité: V případě, že platí nulová hypotéza, jsou p-hodnoty rovnoměrně rozložené (vlevo). V případě, že je značná část genů odlišně exprimovaná, rozložení p-hodnot už není

Histogram of 100000 p-values under the Null Hypothesis



Histogram of p.new



Problém mnohonásobného porovnávání

Porovnáváme tisíce genů/proteinů mezi skupinami.



Hypotézu testujeme pro každý gen!



Máme zvýšenou šanci falešně pozitivních výsledků!

Příklad: 10 000 genů, žádný odlišně exprimovaný mezi skupinami => $0.05 \times 10\,000 = 500$ s $p < 0.05$.



$p < 0.05$ už negarantuje významnost výsledku



Musíme tedy udělat korekci p-hodnot na mnohonásobné porovnání

Korekce problému mnohonásobného porovnávání

	# nezamítnuté (NZ)	# zamítnuté (Z)
#bez rozdílů	Pravdivá negativita (PN)	Falešná pozitivita (FP) Chyba I. druhu
# odlišné geny/proteiny	Falešná negativita (FN) Chyba II. druhu	Pravdivá pozitivita (PP)

Chyby 1. druhu:

- 1. Family-wise error rate (FWER):** Pravděpodobnost alespoň jedné chyby prvního druhu (falešné positivity): $FWER = Pr(FP > 0)$
- 1. False discovery rate (FDR)** (Benjamini & Hochberg, 1995): Očekávaný podíl falešně pozitivních výsledků mezi zamítnutými hypotézami

$$FDR = E[FP/Z]$$

Korekce p-hodnot

- Kontrolujeme FWER
 - Bonferroniho korekcia (pro nezávislé testy!)
 $p < \alpha / m$ (napr. $p < 0.05/10\ 000$)
- Kontrolujeme FDR
 - Benjamini/Hochberg procedura
FDR = 10% (ze 100 zamítnutých hypotéz očekáváme 10 falešně pozitivních)

Který typ korekce použít?

- FWER pokud chceme aby VŠECHNY vybrané geny/proteiny byly opravdu významné. Na druhou stranu, nevybereme tak všechny významné geny!
- FDR pokud preferujeme vybrat většinu významných genů/proteinů, a nevadí nám nějaké falešně pozitivní
- q-hodnota je nejmenší FDR při které daný gen ještě zůstává na listu pozitivních

Moderovaná T-statistika

- Problém ve statistickém testování mikročipových dat:
Příliš malé hodnoty exprese (blízke šumu) vykazují malou variabilitu
=> vysoké T-statistiky u biologicky nerelevantních genů!

Příklad:

$$T_g = \frac{\mu_{g1} - \mu_{g2}}{s_g}$$

$$\mu_{g1} = 2, \mu_{g2} = 2.5,$$

$$s_g = 0.02$$

$$\Rightarrow T_g = -25$$

- Aby se daly statistiky porovnat, je potřeba sjednotit variabilitu:
- Moderovaná T-statistika:

$$d_g = \frac{\mu_{g1} - \mu_{g2}}{s_g + s_0}$$

Konstanta korigující
variabilitu

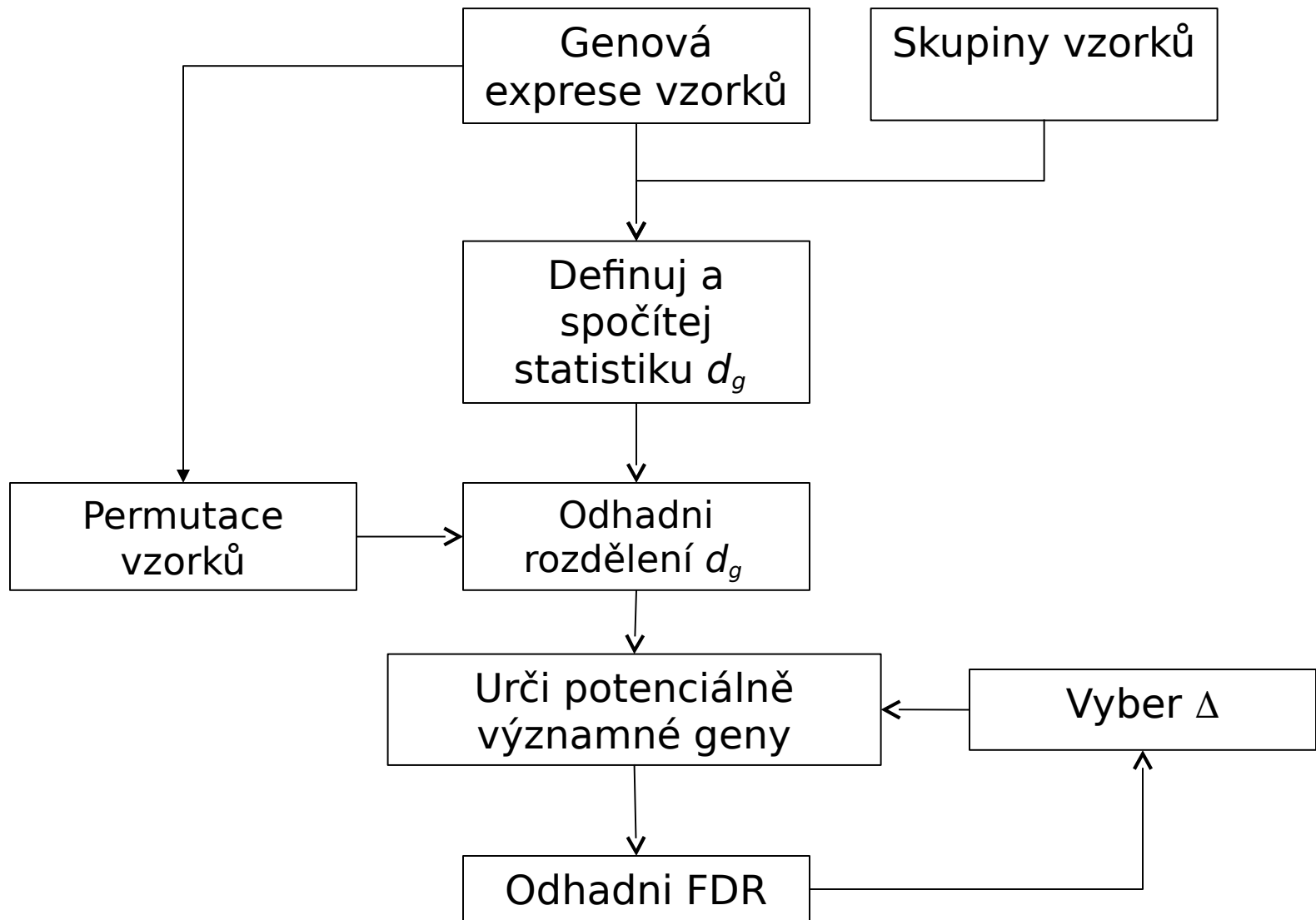
Significance analysis of microarrays (SAM)

- Tusher, Tibshirani a Chu (2001)
- Založená na moderované t -statistice (d_g), počítá FDR

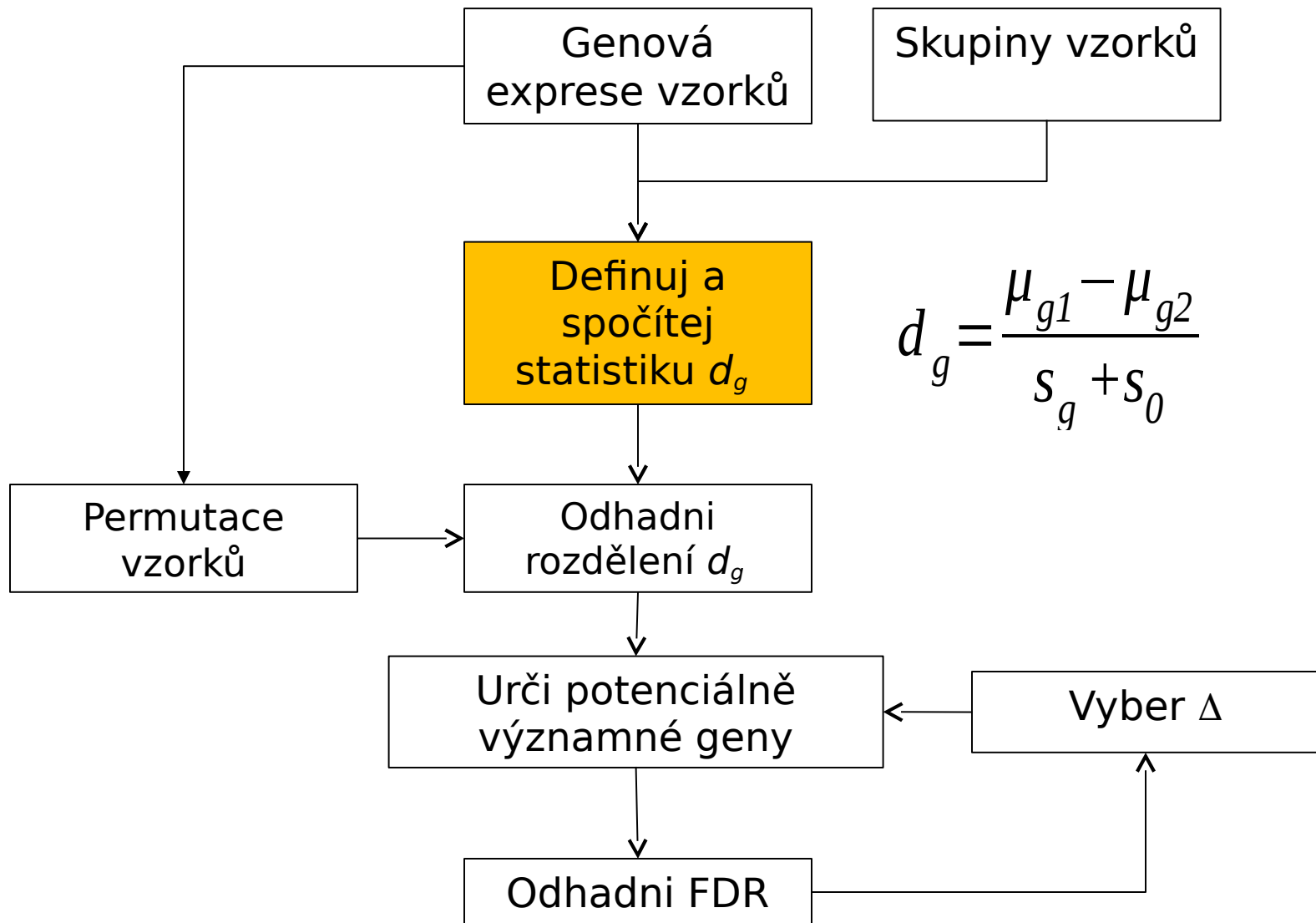
$$d_g = \frac{\mu_{g1} - \mu_{g2}}{s_g + s_0}$$

- Statistická významnost d_g je následně stanovena permutacemi původních dat a kalkulací očekávaného skóre v případě, že platí nulová hypotéza (d_e)
- Gen je statisticky významný, pokud splňuje podmínku $|d_g - d_e| > \Delta$.
- Výhody: jednoduché
 - Nevýhody: výpočtově náročné (permutace)
 - Výstup: q -hodnoty
 - `biocLite("samr")`
 - `library(samr)`

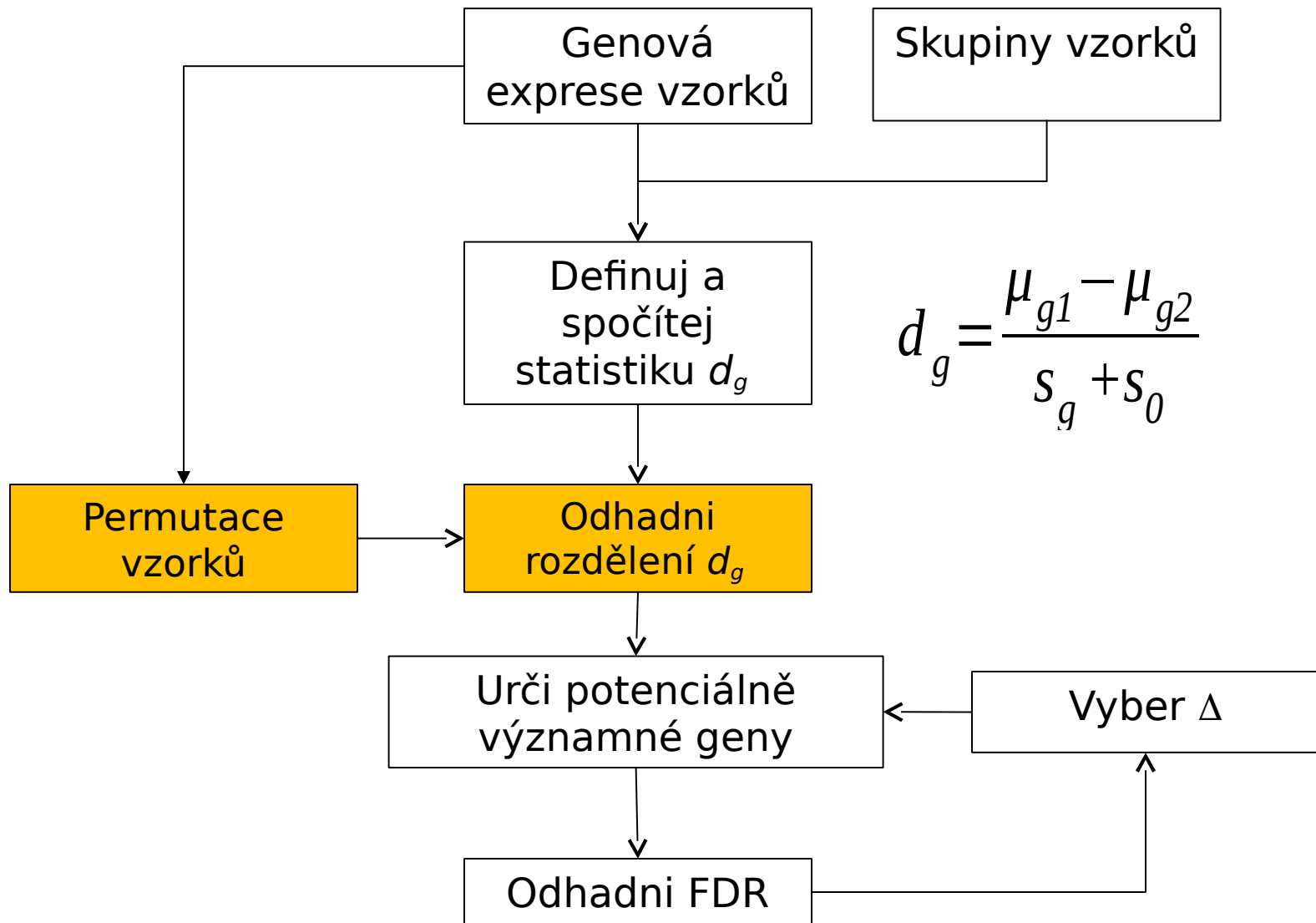
SAM - algoritmus



SAM - algoritmus



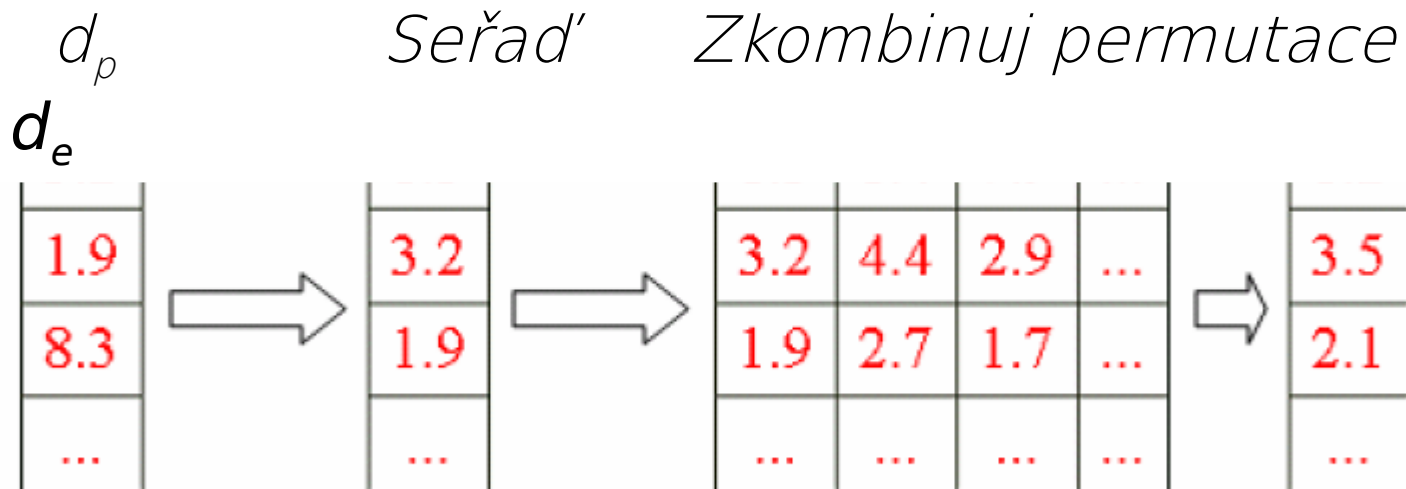
SAM - algoritmus



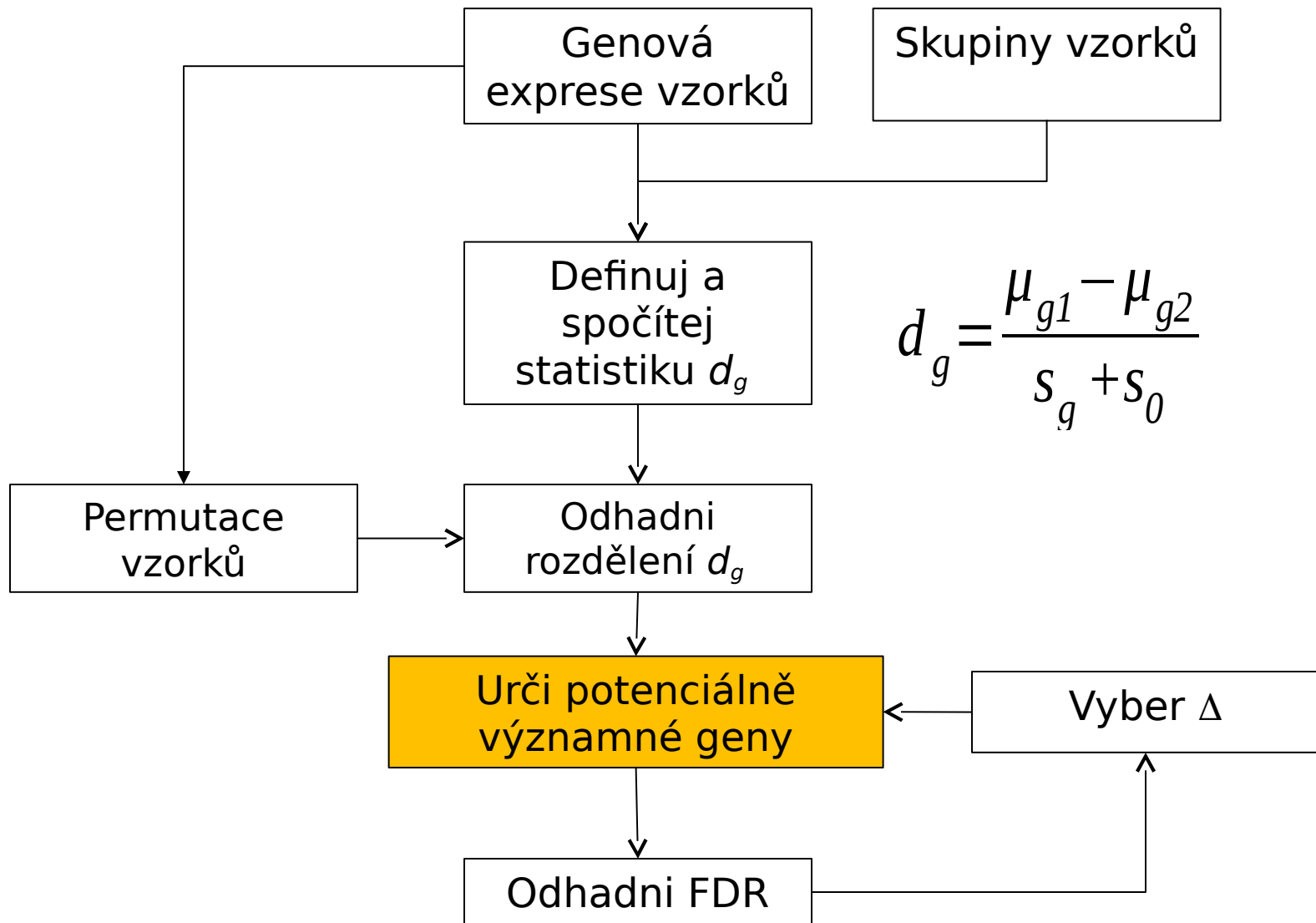
SAM - výpočet očekávaných hodnot

- Pro každou permutaci p spočítej d_{gp}
$$d_{gp} = \frac{\mu_{g1} - \mu_{g2}}{s_g + s_0}$$
- Seřad' statistiky podle velikosti
- Definuj g -tou očekávanou hodnotu na základě N permutací

$$d_{ge} = \frac{\sum_{p=1}^N d_{gp}}{N}$$

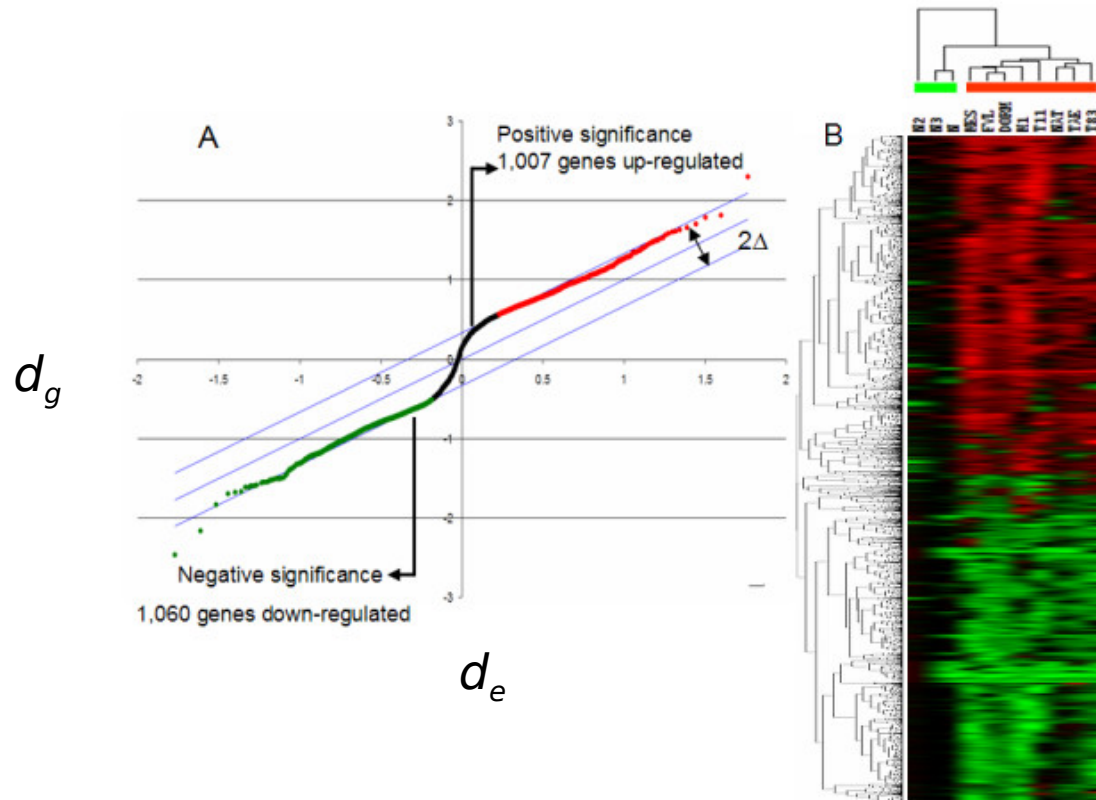


SAM - algoritmus

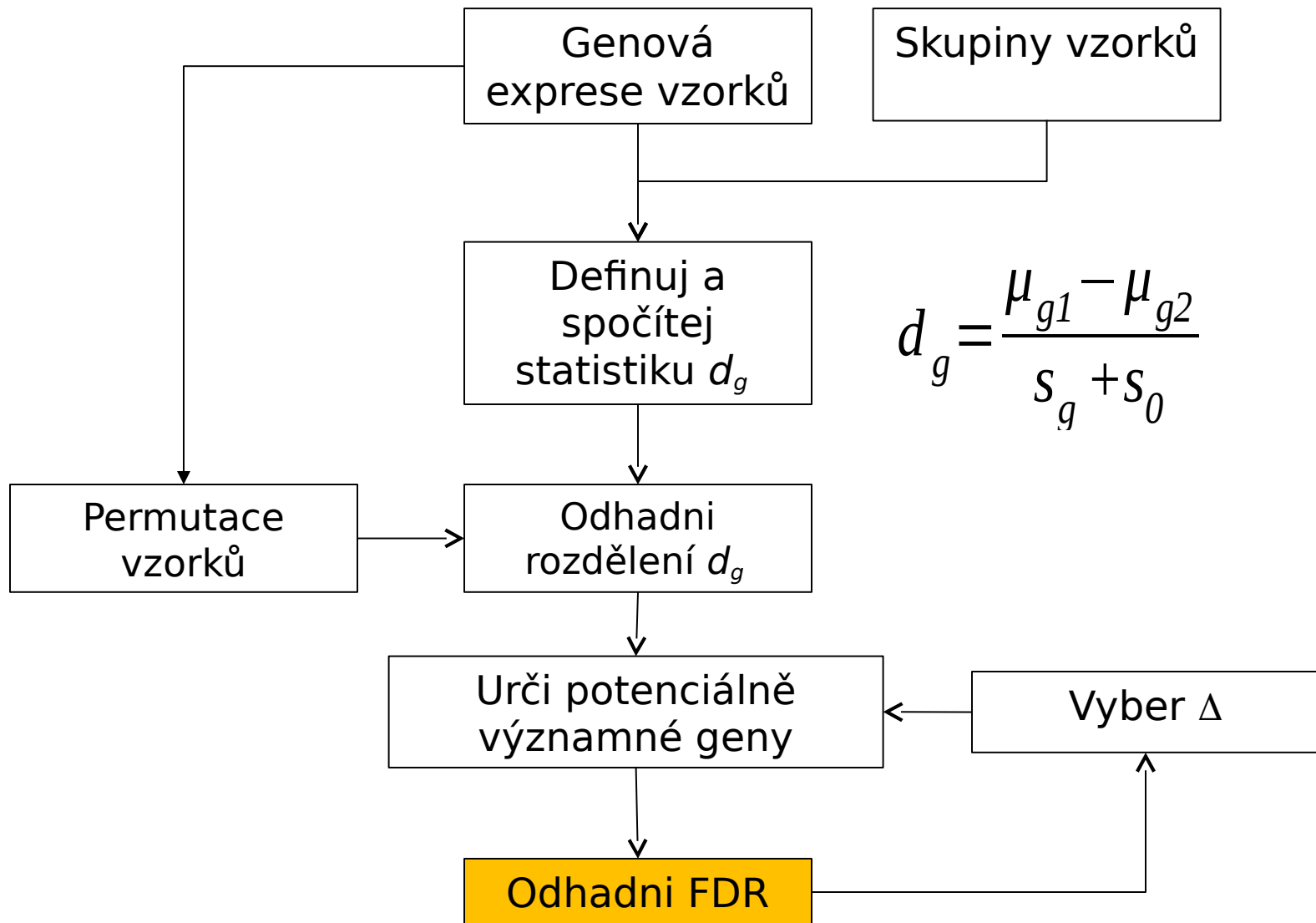


SAM – určení významných genů I

- Seřad' původní statistiky podle velikosti $d_1 \geq d_2 \geq d_3 \geq \dots$
- Nakresli graf d_g vs. d_e a definuj Δ
- Gen je statisticky významný, pokud splňuje podmínku $|d_g - d_e| > \Delta$ (označme t1 a t2 hraniční hodnoty, pro které to ještě platí)



SAM - algoritmus



SAM – výpočet FDR

- t_1 a t_2 budou použité jako hranice
- Vypočítej průměrný počet genů, které v permutacích tyto hranice překročily (byly významné)
- Odhadni počet falešně pozitivních genů v případě, že platí nulová hypotéza podělením počtem významných genů v originálním pozorování:

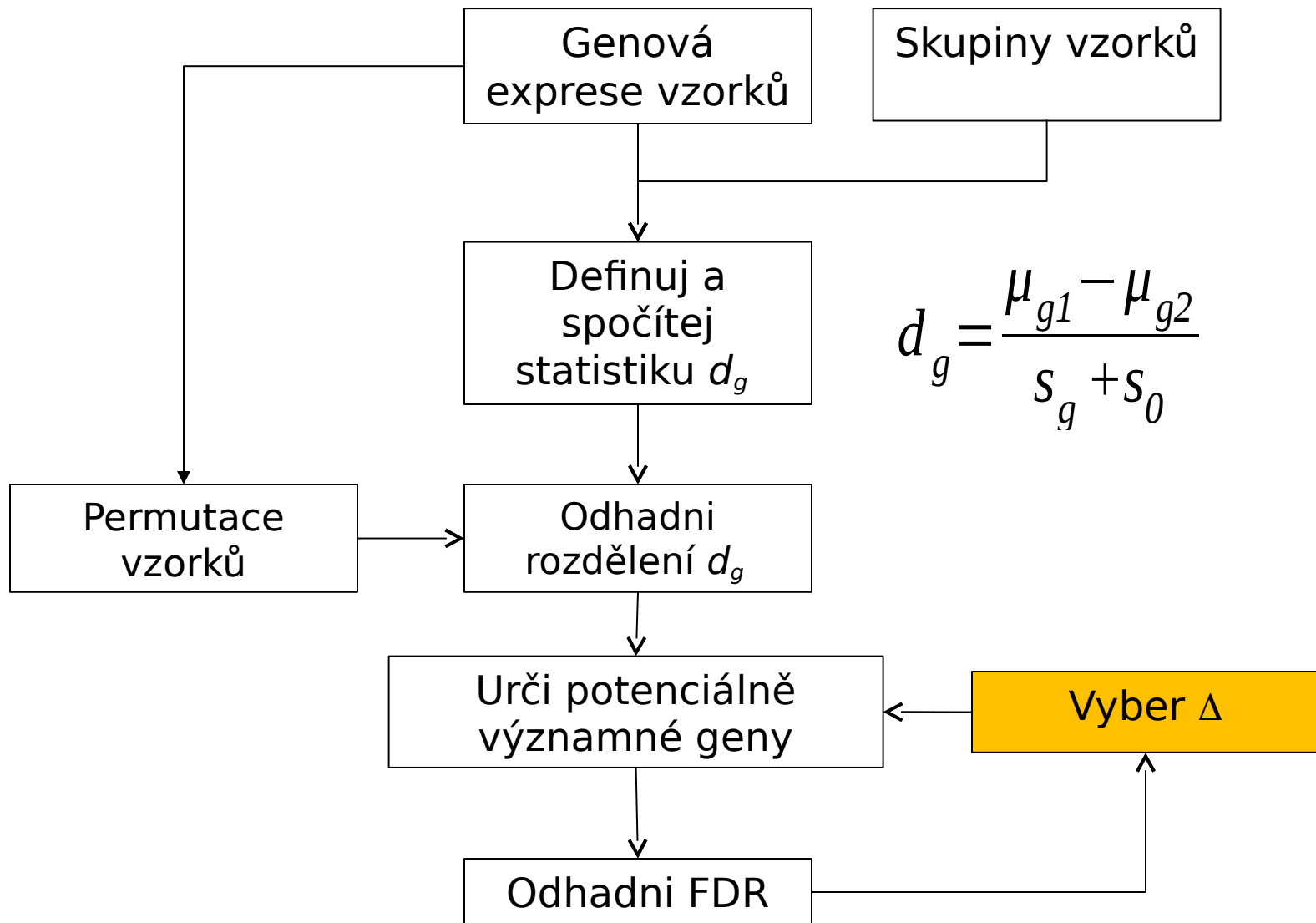
$$\text{FDR} \approx \frac{\frac{1}{N} \sum_{p=1}^N \#\{g | d_{gp} \geq t_1 \vee d_{gp} \leq t_2\}}{\#\{g | d_g \geq t_1 \vee d_g \leq t_2\}}$$

SAM – výpočet FDR, příklad

	d_g	d_p			
t_1	8.3	8.3	8.4	7.9	8.1
	4.2	3.2	4.4	2.5	1.6
	2.9	1.9	2.7	1.7	0.1
t_2	-0.5	0.3	-0.6	1.0	-2.1

$$FDR \approx \frac{7}{4} = 0.5833$$

SAM - algoritmus



SAM – jak vybrat Δ

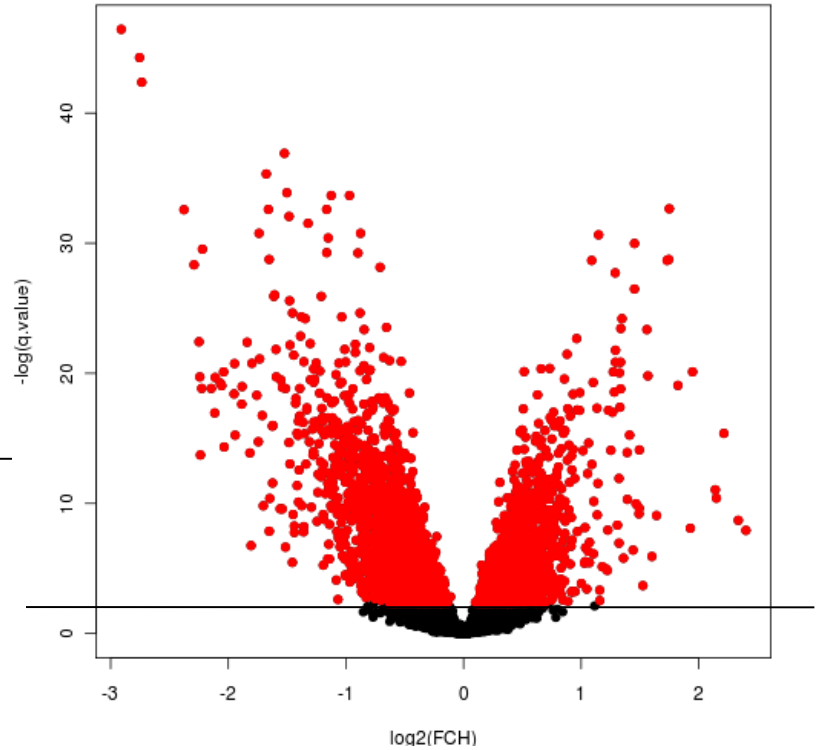
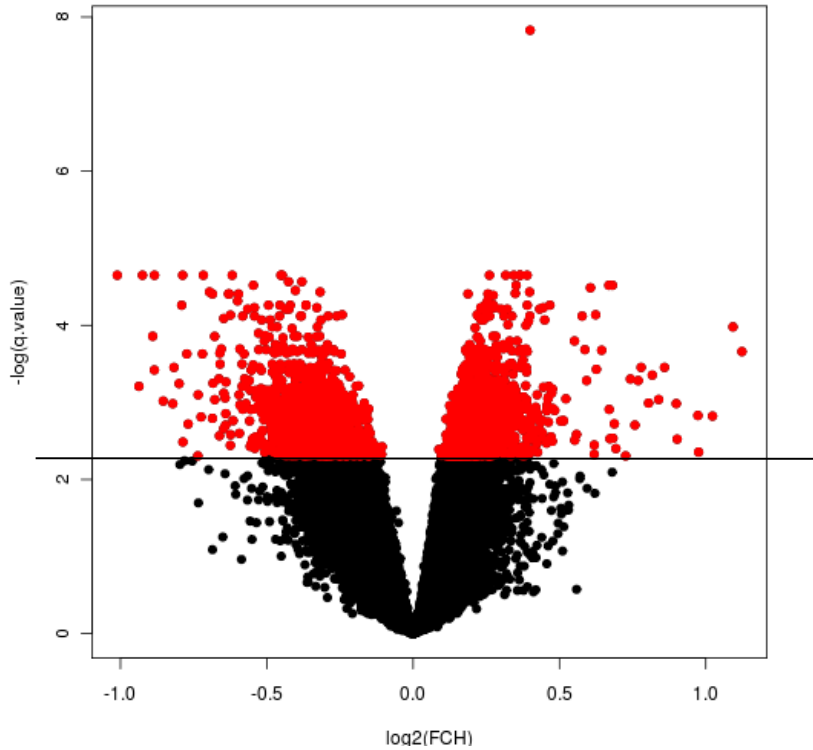
Parametr	Počet falešně pozitivních (z permutací)	Počet označených za významné (v orig.)	FDR
JAFVI			
$\Delta = 0.4$	134.9	288	47%
$\Delta = 0.5$	78.1	192	41%
$\Delta = 0.6$	56.1	162	35%
$\Delta = 0.9$	19.1	80	24%
$\Delta = 1.2$	8.4	46	18%

Limma

- Smyth, G. K. (2004). Linear models and empirical Bayes methods for assessing differential expression in microarray experiments. *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, Volume 3, Article 3. <http://www.bepress.com/sagmbvol3/iss1/art3>
- Lineární modely pro stanovení odlišné exprese z mikročipových dat
- Balík se souborem funkcí pro normalizaci dat a porovnání exprese mezi skupinami (včetně časových řad)
- Moderovaná statistika: variabilita je vyhlazená pomocí empirických bayesovských metod
- `biocLite("limma")`
- `library(limma)`

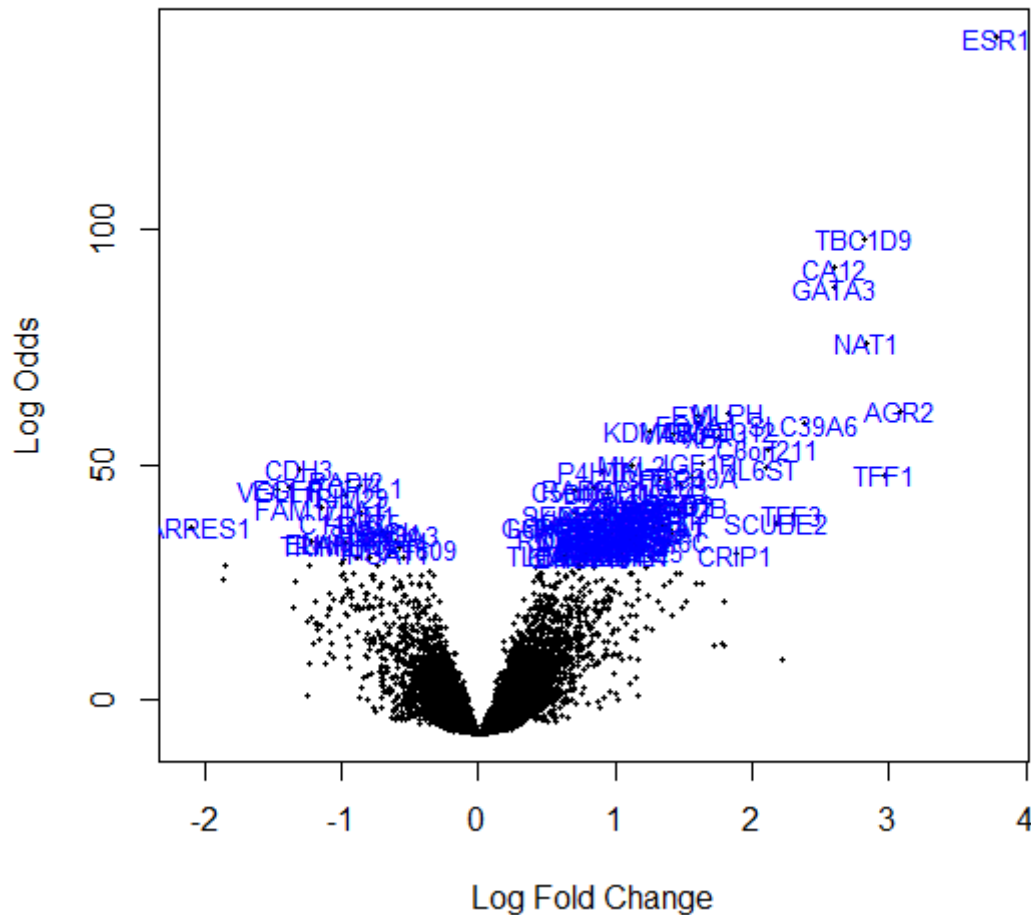
Volcano plots I.

$-\log_{10}(\text{q-value}) \sim -\log_{10}(0.1) = 2.3$



Volcano plots II.

```
library(limma)  
volcanoplot(fit2, highlight=100)
```



Základní metody pro porovnávání

Můžeme rozdělit do tří hlavních skupin:

- Metody studující velikost efektu změny mezi skupinami
- Testování hypotéz
- Regresní strategie

Regresní strategie

- Pokud máme víc jak 1 proměnnou, která může ovlivnit genovou/proteinovou expresi
 - genová exprese \sim skupina + pohlaví

Lineární modelování

- Pokud se snažíme zjistit, jak velmi se genová exprese změní, pokud se změní hodnota nějaké *spojité proměnné*
 - genová exprese \sim přežití
 - genová exprese \sim věk

Lineární modelování, Coxův model proporcionálních rizik

- Chceme najít pravděpodobnost, že vzorek patří do určité skupiny na základě expresní hodnoty daného genu

Logistická regrese

Porovnání skupin

