

Trabajo Práctico 8: Normalización de dos canales por separado

1. Normalización de los canales por separado usando el paquete **limma**

a) Transforme los datos estructuras de **limma**

```
> library(convert)#para usar la función as(,)
```

```
#datos sin normalizar
```

```
> library (beta7)  
> beta7.l <- as(beta7,"RGList")
```

```
#datos normalizados con marray
```

```
> beta7norm <- maNorm(beta7, norm= "p")  
> beta7.p <- as(beta7norm,"MAList")
```

b) Describa las estructuras de los datos en el paquete Limma, utilice la viñeta:



c) Describa la estructura de **beta7.l**, utilice el punto anterior y

```
> summary.RGList(beta7.l)
```

- d) Acceda a las 5 primeras filas (genes) de las intensidades del canal rojo
- e) Acceda a las filas entre la 1500 y la 1508 (genes) de las intensidades del canal rojo
- f) `summary(beta7.l$genes)`
- g) `summary(beta7.l$targets)`
- h) Agregue los nombres de los genes en d) y e)

2. Describa las opciones de la función **backgroundCorrect ()**

3. ¿Qué realiza la siguiente instrucción. Utilice el help.

```
> beta7.pq <- normalizeBetweenArrays(beta7.p,method="quantile")
```

4. Describa la normalización por cuantiles.

5. ¿Cuáles son las opciones de la función **normalizeBetweenArrays**?

6. Compare la normalización por print-tip y la normalización a la que se le ha agregado la normalización por cuantiles

```
> plotDensities(beta7.p)
> plotDensities(beta7.pq)
```

7. Transformación estabilizadora de la varianza **vsn**, es aplicada a los datos crudos

La transformación también es una opción de la función **normalizeBetweenArrays**:

```
> beta7.vsn<-
normalizeBetweenArrays(as(beta7,"RGList"),method="vsn")
Loading required package: vsn
vsn2: 23184 x 12 matrix (1 stratum). Please use 'meanSdPlot' to
verify the fit.
```

```
> meanSdPlot(beta7.vsn$Rb)
```