

## 機能ゲノム学(2014年5月28日)課題の回答とコメント

課題: GSE7623 の RMA および RobLoxBioC データについても limma を用いて同様の解析を実行し、以下の問いに答えよ。

Q1: RMA データの解析結果(得られた DEG 数を記載)

遺伝子数	解析1	解析2	解析3	解析4
	G1群:BAT_fed G2群:BAT_fed	G1群:BAT_fed G2群:BAT_fas	G1群:BAT_fed G2群:WAT_fed	G1群:BAT_fed G2群:LIV_fed
FDR < 0.05	0	2451	2514	8783
FDR < 0.10	0	3996	5025	10730
FDR < 0.30	0	8937	13271	15734
FDR < 0.50	0	13646	19417	19728

Q2: RobLoxBioC データの解析結果(得られた DEG 数を記載)

遺伝子数	解析1	解析2	解析3	解析4
	G1群:BAT_fed G2群:BAT_fed	G1群:BAT_fed G2群:BAT_fas	G1群:BAT_fed G2群:WAT_fed	G1群:BAT_fed G2群:LIV_fed
FDR < 0.05	0	1832	1025	8438
FDR < 0.10	0	3654	3234	10869
FDR < 0.30	0	9618	11097	16288
FDR < 0.50	0	14731	16576	20145

Q3: MAS5 データの結果も含めた考察

「前処理法の違いでDEG数が大きく異なりうる」みたいなことが書かれていれば正解です。「前処理法が異なっても傾向は似ている」や「傾向は概ねクラスタリング結果と似ている」みたいな記述でもよしとしています。

「MAS5 が他の方法に比べて感度・特異度が高い方法だから云々」という考察をしているヒトがいましたが、他の前処理法との優劣については言及していませんのでご注意ください。

自由記載欄

- ・limma と IBMT 法のどちらがよいのか? という質問に対してですが、私もよくわかりません。
- ・Mac と Windows の違いによる不具合は、やはり結構あるのですね。