

# Vaja 4: Analiza podatkov DNA mikromrež z BRB-ArrayTools

---

Peter Juvan, UL MF

e-pošta: [peter.juvan@mf.uni-lj.si](mailto:peter.juvan@mf.uni-lj.si)

Ljubljana, 31. marec 2014

Vaje bodo potekale v **računalniški učilnici** Inštituta za biostatistiko in medicinsko informatiko (**IBMI**) Medicinske fakultete UL, Vrazov trg 2, Ljubljana. Učilnica je v pritličju novega prizidka na notranjem dvorišču.

Na vajah bomo uporabljali program **BRB-ArrayTools**, ki je prosto dosegljiv na spodnjem naslovu:

<http://linus.nci.nih.gov/BRB-ArrayTools.html>

Program je nameščen na vseh računalnikih v učilnici IBMI. Deluje v okolju Windows in zahteva, da imamo na računalniku nameščen **Microsoft Excel**. BRB-ArrayTools lahko namestite tudi na domači računalnik.

- Poberemo datoteko »[http://linus.nci.nih.gov/new\\_updates/ArrayTools\\_v4\\_3\\_2\\_Stable.exe](http://linus.nci.nih.gov/new_updates/ArrayTools_v4_3_2_Stable.exe)«, odpremo arhiv, zaženemo instalacijo »**ArrayTools\_v4\_3\_2\_Stable.exe**« in sledimo navodilom. Instalacija »**CGHTools**« ni potrebna.
- Po instalaciji sledimo navodilom v »**Instructions for Excel 2007 and 2010 Users**«.

BRB-ArrayTools uporabljamo znotraj **Excel**. Po uspešni instalaciji imamo v Excel zavihek (pull-down meni) »**Add-Ins**«, znotraj katerega se nahaja meni »**ArrayTools**«.

Na vajah bomo uporabljali naslednje podatke:

- Testne podatke, ki se naložijo ob instalaciji; do njih dostopamo preko »**Getting tarted -> Open a sample dataset**«;
- Podatke, ki so na voljo na NCBI GEO portalu (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=gds&term=all%5Bfilter%5D>), in sicer zapis **GDS3103**, do katerega dostopamo preko »**Import data -> NCBI GEO archive**«, kamor vnesemo številko »**3103**« in izberemo ustrezno lokacijo, npr. »L:\v-ibmiXX\BRB-vaje«.

**Študijska obveznost** pri vaji 4 je analiza enega seta podatkov iz NCBI GEO ali ArrayExpress arhiva z uporabo programa BRB-ArrayTools in predstavitev opravljene analize v okviru seminarja. Predstavitev naj vsebuje:

- opis in razlago **metod**, ki so jih avtorji uporabili za analizo podatkov mikromrež;
- **rezultate** analize podatkov mikromrež iz prispevka;
- **rezultate** lastne analize podatkov, izvedene z BRB-ArrayTools, in njihovo **interpretacijo**, iz katere bo razvidno razumevanje uporabljenih metod;
- **kritično primerjavo** rezultatov lastne analize z analizo avtorjev prispevka.

Ime in priimek	Vpisna številka	Dostopna številka do podatkov	Prispevek
		ArrayExpress: E-MEXP-3291	Clarke, J. D. et al. Characterization of Hepatocellular Carcinoma Related Genes and Metabolites in Human Nonalcoholic Fatty Liver Disease. <i>Dig Dis Sci</i> , 2013
		ArrayExpress: E-MEXP-3291	Lake, A. D. et al. Analysis of global and absorption, distribution, metabolism, and elimination gene expression in the progressive stages of human nonalcoholic fatty liver disease. <i>Drug Metab Dispos</i> , 2011, 39, 1954-1960
		GEO: GSE33814	Starmann, J. et al. Gene expression profiling unravels cancer-related hepatic molecular signatures in steatohepatitis but not in steatosis. <i>PLoS One</i> , 2012, 7, e46584
		GEO: GSE16544 GSE47613	Caudy, A. A. et al. A new system for comparative functional genomics of <i>Saccharomyces</i> yeasts. <i>Genetics</i> , 2013, 195, 275-287
		GEO: GSE41113	Donohoe, D. R. et al. The Warburg effect dictates the mechanism of butyrate-mediated histone acetylation and cell proliferation. <i>Mol Cell</i> , 2012, 48, 612-626
		GEO: GSE47983	Kozak, B. U. et al. Replacement of the <i>Saccharomyces cerevisiae</i> acetyl-CoA synthetases by alternative pathways for cytosolic acetyl-CoA synthesis. <i>Metab Eng</i> , 2014, 21, 46-59