

Graphen und Netze

Praktikumszeitraum 30.07.-09.08.2013

Vergleich von Genexpressionsnetzwerken zwischen Menschen,
Schimpansen und Rhesusaffen

Sandra Gerstl, Benjamin Standfuß

Grundlagen & Fragestellung

Unterschiede zwischen Genexpression und TFs im Gehirn von Menschen, Schimpansen und Rhesusaffen festgestellt

Schwankt die Signifikanz dieser Betrachtungen bei Entfernung eines Individuums aus dem jeweiligen Datensatz?

Falsch-Positive

Individuelle Vernetzung?

Arbeitsweise

Grundlage:

Tabelle von Stefano mit Genexpression für je 12 Individuen der 3 Arten

develop.txt

Liste mit Transkriptionsfaktoren (TFs):

TFgeodNo4.txt

Herausfiltern der TFs, Erstellen neuer Tabellen:

Tabelle mit TF x TF (270x270)

Tabelle mit Gene x TF (12099x270)

Arbeitsweise

Correlation- und p-Values (nach Spearman-Methode):

2 Tabellen für jede Spezies (correlation value, p-value)

Eigenkorrelation (Wert 1) auf 0 setzen

Nur signifikante ($p \geq 0,05$) Werte behalten, andere 0 setzen

TFs aus Genliste entfernen (verbleibend: 11829)

Arbeitsweise

Omega fuer alle 3 Arten berechnen:

$$\omega_{ij} = \frac{\sum_u a_{iu} \times a_{uj} + a_{ij}}{\min(K_i, K_j) + 1 - |a_{ij}|}$$

a_{iu} = Gen x TF

a_{ui} = TF x Gen (transformiert)

a_{ij} = TF x TF

K_i, K_j = connectivity (absolute Werte von TF x TF spaltenweise aufsummiert)

Normalisierung der Omega-Werte:

Alle Werte zwischen -1 und 1

Arbeitsweise

Leave-One-Out-Methode:

Alle vorherigen Arbeitsschritte fuer alle 3 Arten und den jeweils um 1 Individuum reduzierten Datensatz

Arbeitsweise

Gemeinsame signifikante Paare

nur fuer Menschen durchgefuehrt

Wie viele Paare sind jeweils signifikant? (AH=All Human, LO = LeaveOut)

AH	LO	AH-LO1	AH-LO2	AH-LO3	AH-LO4	AH-LO5	AH-LO6	AH-LO7	AH-LO8	AH-LO9	AH-LO10	AH-LO11	AH-LO12
798	175	381	604	468	506	758	508	567	720	654	649	722	357

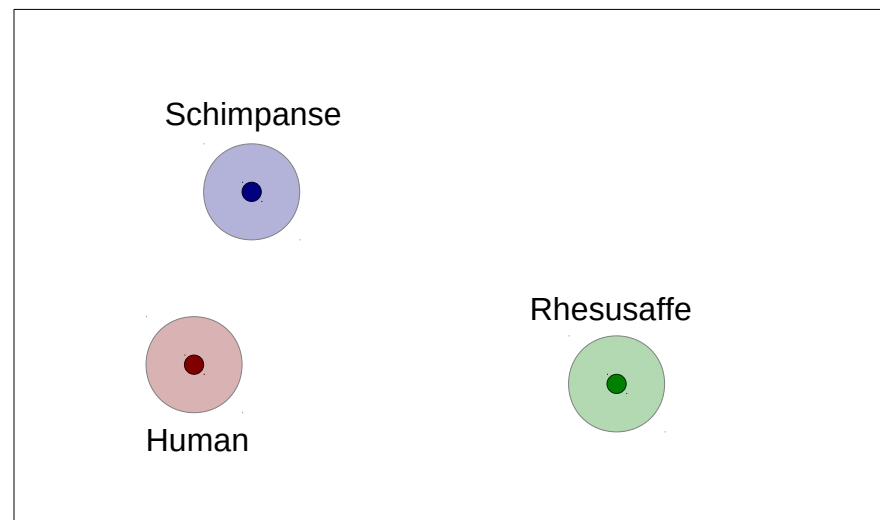
Arbeitsweise

Euklydische Distanzen:

Paarweises vergleichen aller Omega-Tabellen miteinander

Distanz mit $(x-y)^2$ berechnet

Erwartetes Ergebnis (schematisch):



Arbeitsweise

Euklydische Distanzen:

Mit cmdscale

