

Übungen zur Kalibrierung und Normalisierung von cDNA Arrays (16.2.2004)

- 1) Laden Sie das Bioconductor Paket "marrayNorm" (enthält Routinen zur Normalisierung) sowie das Paket "marrayPlots" (für diagnostische Plots).
- 2) Laden den Beispieldatensatz "swirl".
Finden Sie mehr über diesen Datensatz heraus:
 - wie viele Arrays?
 - wie viele Gene?
 - in welchen Objekt werden die Rohdaten gespeichert?
 - wie bekomme ich z.B. die Intensitätsdaten für den Kanal "Grün, Vordergrund"?
- 3) Generieren und vergleichen Sie die folgenden diagnostischen Plots für alle Arrays (evtl. muss dazu das Grafikfenster manuell vergrößert werden):
 - Boxplot
 - MA Plots
- 4) Welche Methoden zur Normalisierung sind in der Funktion "maNorm" implementiert?
Führen Sie einfaches Normalisierungsverfahren (z.B. "median" Methode) durch.
- 5) Generieren Sie für die normalisierten Daten erneut die Diagnose-Plots (Boxplot und MA Plots).
Was fällt Ihnen auf?
- 6) Bei genügend Zeit: wiederholen Sie 4) und 5) mit der "loess" Methode.
- 7) Laden Sie das "vsn" Paket und normalisieren sie die "swirl" Daten mit der VSN Methode.
Aus Zeitgründen beschränken Sie sich dabei auf die Gene 2000 bis 5000.
- 8) Finden Sie die mittels VSN geschätzten Offset und Skalenparameter heraus.