

sample.check

package:unknown

R Documentation

CHECAGEM DE PARÂMETROS DE AMOSTRAS DE DNA COM CÁLCULO DE VOLUME DE ALICOTAS.

Description:

Função para conferir os valores das razões OD260/OD280 e OD260/OD230, além de valores de concentração. Diversos protocolos para manuseio de amostras de DNA apresentam etapas de conferência de grau de pureza e grau de concentração de amostras para a execução de genotipagem e amplificação. A configuração dos valores de referência podem ser alterados pelo usuário, bem como podem ser utilizados os valores default largamente utilizados. Esta função checa os parâmetros e calcula os valores de amostra e de buffer para preparação de alicotas de amostras de DNA.

Usage:

```
sample.check(file, RAZ1MIN, RAZ1MAX, RAZ2, CONC, VOL)
```

Arguments:

file: arquivo de entrada de classe data.frame com os nomes das amostras, valores de razões OD260/OD280 e OD260/OD230 e valor de concentração, informações obtidas através de equipamentos quantificadores de DNA.

RAZ1MIN: valor mínimo aceitável pelo range da razão OD260/OD280. Quando não apresentado, o valor default será 1.8.

RAZ1MAX: valor máximo aceitável pelo range da razão OD260/OD280. Quando não apresentado, o valor default será 2.0.

RAZ2: valor mínimo aceitável pelo range da razão OD260/OD230. Quando não apresentado, o valor default será 2.0.

CONC: valor mínimo de concentração da amostra. Quando não apresentado, o valor default será 15 ng/uL.

VOL: valor final da alíquota da amostra conferida. Quando não apresentado, o valor default será 55 uL.

Details:

O arquivo de input file requerido precisa ser apresentado seguindo um padrão. O arquivo pode ser construído usando programas de texto comuns ou programas de manuseio de tabelas, contanto que:

- Não apresente cabeçalho.
- Traga dados de cada amostras por linha.
- Na primeira coluna contenha os nomes das amostras.
- Na segunda coluna apresente a razão OD260/OD280.
- Na terceira coluna apresente a razão OD260/OD230.
- Na quarta e última coluna apresente a concentração.

- Não apresente células vazias ou dados faltantes.
- Use "." como separador de unidades decimais.

- É recomendado usar a função `read.table` para "chamar" o arquivo de input, usando os argumentos:

```
dec = ".", sep = "", header = F, stringsAsFactors = F.
```

-Exemplo:

```
file <- read.table("teste.txt", dec = ".", sep = "", header = F,  
stringsAsFactors = F)
```

*Consulte e abra o arquivo "exemple" no final da pagina do help em caso de dúvidas.

Value:

Arquivo data.frame contendo, em ordem:

- Coluna com nome das amostras
- Coluna com status de checagem da razão OD260/OD280.
- Coluna com status de checagem da razão OD260/OD230.
- Coluna com status da checagem da concentração.

Em caso de amostra adequada os 3 parâmetros, ainda apresenta:

- Coluna com volume de amostra a ser separado para alíquota.
- Coluna com volume de buffer a ser adicionado a alíquota da amostra.

Warning:

Se houver montagem incorreta do arquivo de input "FILE" serão apresentados warnings com parada de execução da função.

- Warning com parada quando o arquivo de entrada não é classe data.frame.
- Warning com parada quando o arquivo de entrada não apresenta número de colunas adequado.
- Warning com parada quando o arquivo de entrada apresenta "NA".
- Warning com parada quando o arquivo de entrada apresenta caracteres entre a coluna 2 até a 4 do input.

Author(s):

Vinícius Magalhães Borges
e-mail: vinyborges@usp.br
(71) 99138-301

References:

- 260/280 and 260/230 Ratios. Disponível em:
<<http://www.nhm.ac.uk/content/dam/nhmwww/our-science/dpts-facilities-staff/Coreresearchlabs/nanodrop.pdf>>. Acessado em: 23 de Maio de 2018.
- Affymetrix. Affymetrix Service Guide Axiom Human. Affymetrix, v.1.1.
- Assessment of Nucleic Acid Purity. Disponível em:
<[https://tools.thermofisher.com/content/sfs/brochures/TN52646-E-](https://tools.thermofisher.com/content/sfs/brochures/TN52646-E-0215M-)

0215M-

NucleicAcid.pdf>. Acessado em: 22 de Maio de 2018.

-Interpretation-of-Nucleic-Acid-260-280 ratios. Disponível em:
<<https://tools.thermofisher.com/content/sfs/brochures/T123-NanoDrop-Lite-Interpretation-of-Nucleic-Acid-260-280-Ratios.pdf>>. Acessado em: 22 de Maio de 2018.

See Also:

Arquivo de exemplo no final da página do help.

Examples:

```
sample.check(file = file)
sample.check(file = file, CONC = 12, VOL = 55)
sample.check(file = file, RAZ1MIN = 1.5, RAZ1MAX = 2.5, RAZ2 = 3)
sample.check(file = file, RAZ1MIN = 1.5, RAZ1MAX = 2.5, RAZ2 = 3, CONC = 20, VOL = 50)
```

[Arquivo de input: EXEMPLE](#)

— *Vinicius Magalhães Borges* 2018/05/27 13:32

From:

<http://ecor.ib.usp.br/> - **ecoR**

Permanent link:

http://ecor.ib.usp.br/doku.php?id=05_curso_antigo:r2018:alunos:trabalho_final:vinyborges:help

Last update: **2020/08/12 09:04**

