input

inicial_dado_a_ser_processado.csv

Funções auxiliares

list.of.neg.r list.of.is.pos.r

```
Help
Omics.process                package: unknown             R documentation

Organização e Processamento de dados de Lipidômica
Description:
Função para organizar dados de lipidômicas  de várias amostras onde é
necessário normalizar os valores dos lipídios por um padrão interno e
corrigido com um fator de correção. A função cria novos arquivos em .csv que
contenham os valores normalizados e corrigidos, caso seja triplicata, a
função irá fornecer arquivos em .csv que contém os valores das triplicas
normalizados e corrigidos com média e desvio padrão por metabólito, além do
arquivo que contenha os valores de médias por triplicata e um arquivo com os
desvios padrões em uma nova pasta chamada “Final”.
Usage:
omics.process(input,method,n, group,triplicate)
Arguments:
input: data frame que contenha os dados de lipidômica em três colunas: 1ª
Amostra, 2 ª Lipídio e 3ª valor da quantificação do lipídio.
Method : “pos” ou “neg”, determina qual foi modo de identificação, positivo
ou negativo.
N: número inteiro, remete ao número de amostras.
group : vetor contendo os nomes dos grupos de amostras, ex:
c(“controle”,”tratamento 1”,”tratamento 2”).
Triplicate:  TRUE ou FALSE, caso seja em triplicata, resultará arquivos que
contenham os valores de cada réplica com média e desvio padrão por grupo.
Caso não seja, resultará um arquivo único com os valores normalizados e
corrigidos pelo fator de correção de cada amostra.
Details:
Lipídios devem conter espaço entre o nome e as cadeias, ex: PC (16:0/16:1)
,SM (d18:1/24:1), etc...
Tipos de ionização e forma de mostrar não deve conter “+, - ou H2O”, tipos
de ionização:
[M-H] = M H, [M+H] = M H, [M+H2O] = M W, [M+Cl] = M Cl, [M+AcO] = M AcO,
[M+Form] = M Form, [M+NH4] = M NH4

Padrão internos deve ter “IS” no nome, ex: “PC (17:0/17:0) IS”
Não deve conter NA no valor da terceira coluna
Warning:
Despende de um arquivo chamado “IS.list.csv “, output da função
List.of.IS.Pos.R ou List.of.IS.Neg.R
Author(s):
```

Rodrigo Lucas de Faria
Email: rodrigo_faria@usp.br

Exemples:

```
Input <-  read.csv(“Inicial_dado_a_ser_processado.csv”, as.is = TRUE, header = TRUE)
group.names <- c("0min", "5min", "10min","30min","60min","120min","240min")
# Nomes dos grupos de amostras
source(“List.of.IS.Neg.R”)
List.of.IS.Neg(input)  #Escolher os padroes internos e fator de correcao para NEGATIVO
omics.process(input,n = 21,triplicate = TRUE, method = "neg", group.names = group.names)
```

From:
http://ecor.ib.usp.br/ - **ecoR**

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

Last update: **2020/08/12 06:04**