ALL Dataset
Bioconductor Case Studies Chapter 1

27 January, 2010

Contents

1 Read Me

This vignette contains the extracted R code from the *ALL Dataset* chapter of *Bioconductor Case Studies*. Please refer to your copy of the book or the printout of the chapter. You may find the generated `.R` file corresponding to this vignette useful for copy/pasteing the examples as you go through the lab.

2 Extracted Code

It is easier to refer to the extracted `.R` file for copy/pasting purposes.

```
> ###################################################
> ### chunk: loaddat
> ###################################################
> library("Biobase")
> library("ALL")
> library("genefilter")
> data("ALL")
> ###################################################
> ### chunk: bcells
> ###################################################
> bcell = grep("^B", as.character(ALL$BT))
> ###################################################
> ### chunk: moltyp
> ###################################################
> types = c("NEG", "BCR/ABL")
```

```
> moltyp = which(as.character(ALL$mol.biol) %in% types)
> ###################################################
> ### chunk: subset
> ###################################################
> ALL_bcrneg = ALL[, intersect(bcell, moltyp)]
> ###################################################
> ### chunk: cleanup
> ###################################################
> ALL_bcrneg$mol.biol = factor(ALL_bcrneg$mol.biol)
> ALL_bcrneg$BT = factor(ALL_bcrneg$BT)
> ###################################################
> ### chunk: nsfilter
> ###################################################
> varCut = 0.5
> filt_bcrneg = nsFilter(ALL_bcrneg, require.entrez=TRUE,
+     require.GOBP=TRUE, remove.dupEntrez=TRUE,
+     var.func=IQR, var.cutoff=varCut,
+     feature.exclude="^AFFX")
> filt_bcrneg$filter.log
> ALLfilt_bcrneg = filt_bcrneg$eset
> ###################################################
> ### chunk: af4bcr
> ###################################################
> types = c("ALL1/AF4", "BCR/ABL")
> moltyp = which(ALL$mol.biol %in% types)
> ALL_af4bcr = ALL[, intersect(bcell, moltyp)]
> ALL_af4bcr$mol.biol = factor(ALL_af4bcr$mol.biol)
> ALL_af4bcr$BT = factor(ALL_af4bcr$BT)
> filt_af4bcr = nsFilter(ALL_af4bcr,require.entrez=TRUE,
+     require.GOBP=TRUE, remove.dupEntrez=TRUE,
+     var.func=IQR, var.cutoff=varCut)
> ALLfilt_af4bcr = filt_af4bcr$eset
```