**הנחיות להצגה סופית ומעבדה 9**

מתייעץ רוצה לבדוק האם יש בדגימה סרטנית יש שינוי במספר העותק הגנומי בסביבות בסיס 27M בכרומוזום הראשון. כדי לזהות את השינוי, הוא ריצף בשיטת DNA-sequencing דגימה של תאים סרטניים ודגימה נוספת של תאים בריאים. הוא חושש שאפקטים מקומיים, ובפרט כאלו הקשורים בGC, יקשו עליו לזהות את השינוי.

הכינו מצגת בה אתם מציגים את האומדנים שלכם למספר העותקים, וכן את השיטה בה השתמשתם כדי לקבל את האומדנים. הניחו שהמתייעץ מבין בגנומיקה ובריצוף גנומי, אך אינו מכיר לעומק את אפקט הGC או כיצד מתקנים עבורו. המצגת צריכה להציג את הקשר בין GC למספר הפרגמנטים, את עיקרי השיטה בה השתמשתם כדי לתקן, ולהציג את השפעת התיקון לנתונים המקוריים (הן באופן וויזואלי והן באופן כמותי). כל קבוצה תחליט לגבי מודל רגרסיה, גודל תא, או מדד הצלחה. כל קבוצה תעבוד על הקבצים שבהם השתמשה במטלות 7 ו8.

שימו לב:   
אני מבקש לא להשתמש ב״העתק הדבק״ מתוך דפי מידע שאחרים כתבו (או שאני כתבתי).   
דאגו להבין היטב את מה שאתם מציגים.

**הדרכה (כל שלב בערך 1-2 שקפים).**

1. רקע: הסבירו את הבקשה, את הנתונים שקיבלתם מהמתייעץ, ונתונים חיצוניים בהם תשתמשו. ניתן להציג את האזור הלא מתוקן.
2. הציגו מודל סטטיסטי המקשר בין מספר הפרגמנטים הנצפים למספר העותקים. הסבירו כל אחד מהגורמים הנוספים במודל (גורמי הרעש, פונקציית הgc התפלגות צפויה).
3. הראו כיצד אתם ממדלים את האפקט של פונקציית הgc (כולל גרף ורגרסיה)
4. הציגו נוסחה לאומד בה תשתמשו.
5. הסבירו כיצד תכמתו את ההצלחה (מדד, מהם האזורים עליהם יבדק)
6. הציגו את אזור האזור המתוקן, שוב בהשוואה לנתונים ההתחלתיים וכן את המדדים.

**מהלך המפגש**

במפגש אתם תציגו את התוצאות, ואני אפריע בשאלות; חלק מהשאלות כמתייעץ, וחלק מהשאלות כמרצה. אנא התכוננות למצגת לא ארוכה, לכל היותר 10 שקפים (אפשר פחות) שתוכלו להציג בלכל היותר 10 דקות.

**מעבדה 9**

עבור מעבדה 9 אבקש שתגישו \*שקפים\* עבור חלקים א-ד.

כלומר כ5-8 שקפים שנותנים מבוא קצר לנתונים, מודל סטטיסטי המקשר בין מספר הפרגמנטים למספר העותקים, מראה את האפקט של פונקציית הGC והרגרסיה, וכן הסבר על האמידה.