

- I. Zadanie: Dla jednej dowolnej próbki zinterpretuj jakość danych. Załącz dwa wybrane wykresy które uzasadniają interpretację.

Aby dokładnie interpretować wyniki w pewnym sensie należy obserwować Wszystkie wykresy. Pierwszy poniżej m.in. według programu jest niepoprawny – zawiera za mały sequence GC quality score, tak samo wynik jest niepoprawny w Per base sequence content. Powodem może być zbyt mała ilość materiału w badanych próbkach, opcjonalnie może być to związane z pewnymi zasadami o słabej jakości, które nie zostały usunięte. Mimo to wiele innych elementów nadaje się do wykorzystania. W przypadku zbadania jakości próbki warto pozbyć się zasad niskiej jakości.

- II. Zadanie: Wybierz pierwszy wiersz opisujący mapowanie inne niż i) pełne dopasowanie odczytu do referencji (100M) lub ii) brak mapowania. Wklej kod CIGAR i zinterpretuj go

MCL1-DL 91M1D9M: Dopasowanie (pierwsze M) = 91, Delecje (D) = 1, Dopasowanie (Drugie M) = 9

- III. Zadanie: Podaj statystyki zliczonych cech zawarte w jednym z outputów narzędzia

MCL1-DK

Status	2
Assigned	780
Unassigned_Unmapped	41
Unassigned_MultiMapping	173
Unassigned_NoFeatures	97
Unassigned_Ambiguity	24

- IV. Zadanie: Opisz co znajduje się w pliku factordata

Plik zawiera dwie kolumny jedna posiada nazwę, a kolejna opisuje pierwszą.

V. Zadanie: Opisz co znajduje się w pliku annotations

W pliku znajdują się geny z kodem entrez ich symbol jak i samą nazwę genu związaną z kodem entrez.

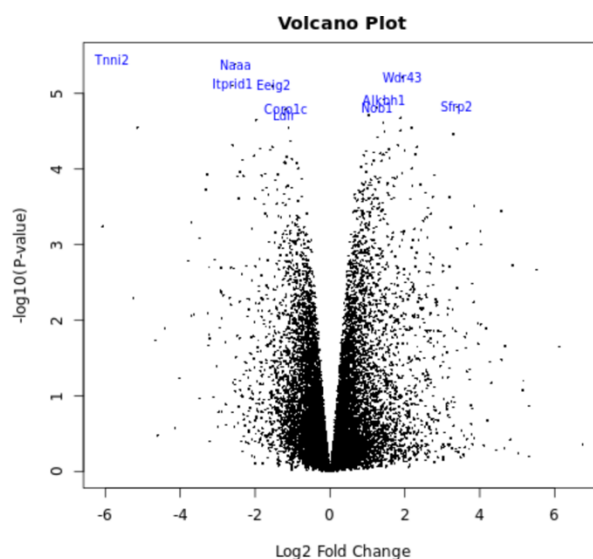
VI. Zadanie: Opisz co oznacza sekcja "Contrast of Interest"

Umożliwia programowi Limma porównać obie sekwencje, w naszym przypadku są to basalpregnant i basallactate. W efekcie uzyskujemy informacje jakie geny z basalpregnant będą nad/podregulatorowe porównując do basallactate.

VII. Zadanie: Opisz uzyskane wyniki, wskaz które geny wyrażają różnicę w ekspresji, za pomocą dwóch dowolnych wykresów popierających interpretację.

geny różnicujące = tnai2, naaa, wdr43, sfrp2, eeig, itprid1, alkbh1/

Detables umożliwia zobaczenie genów, gdzie program MDSplot umożliwia nam porównanie genów między sobą. Sam Volcanoplot umożliwia nam zobaczenie, które geny najbardziej się wyróżniają z całej próbki.



MDS Plot: Dims 1 and 2

