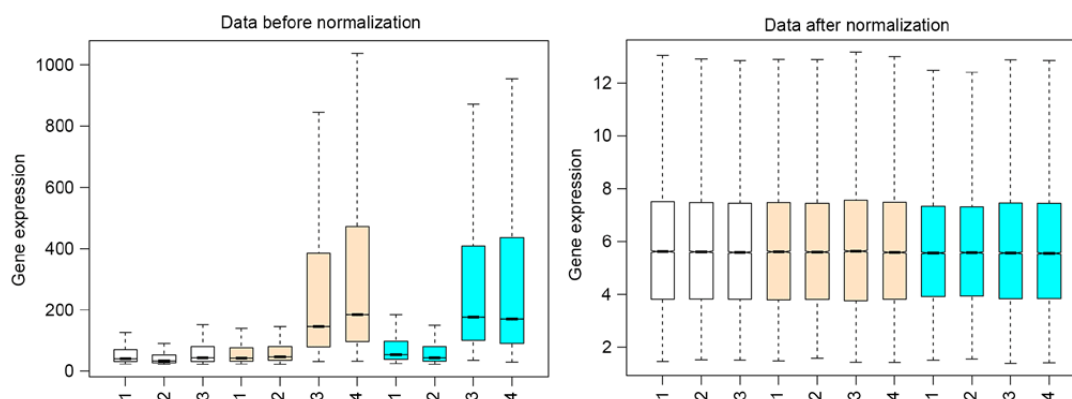


Zadanie1 Zbadano poziom ekspresji genów u 11 osób przydzielonych do jednej z trzech kategorii (oznaczonych na rysunkach różnymi kolorami). Oś Y reprezentuje poziom ekspresji genów dla kolejnych próbek. Po lewej stronie znajdują się dane przed normalizacją, po prawej – po normalizacji. Wymień i krótko opisz prawdopodobne kroki jakie przeprowadzono.



Wyjaśnij czy sensownym biologicznie jest aby próbki po normalizacji miały zbliżone średnie?

NCBI (GEO DataSets) udostępnia dane z eksperymentów mikromacierzowych a także pozwala na ich analizę online. W tym kroku poddamy analizie wybrany taki eksperyment.

Zadanie2 Przypadek do analizy z *NCBI GEO DataSets*

- Wejdź w link poniżej:
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/GDSbrowser?acc=GDS810>
- Czego dotyczyło badanie?
- Gdzie badano ekspresję genów? (jaki materiał/tkanka)
- Ile było wszystkich próbek i na ile grup były one podzielone (*Experiment design and value distribution oraz Sample Subsets*)
- Według jakich kryteriów podzielono próbki na grupy? Opisz wykorzystane parametry. (*Experiment design and value distribution oraz Sample Subsets*)
- Ile jest genów różnicujących? (*Find genes, Find genes that are up/down for this condition(s)*)
- Jak wygląda przebieg ekspresji dla genów *SPARC*, *VSNL1* oraz *COL5A2* w kolejnych grupach? (*Expression Profiles* lub *Find genes*) Za co odpowiadają te geny? Czy obserwujesz jakieś tendencje zmiany poziomu ich ekspresji w kolejnych grupach? Poszukaj w źródłach zewnętrznych informacji na temat ich związku z chorobą Alzheimera.

- Czym są *housekeeping genes*? Jaką pełnią rolę w eksperymencie mikromacierzowym? Wybierz trzy przykładowe geny tej kategorii i sprawdź ich ekspresję w kolejnych próbkach.

Zadanie3 Wyznaczono poziom ekspresji genów dla 6 kolejnych chwil czasowych. Wyznacz współczynnik korelacji pomiędzy poziomem ekspresji genu 1 oraz genu 2. Zinterpretuj uzyskany wynik.

Gen 1	0.7	0.74	0.86	0.90	1.2	1.31
Gen 2	1.5	1.32	1.11	1.00	0.72	0.60

Możesz użyć poniższy kod Python (zawarte w pliku zadanie3.py).

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

x = np.array([]) #wpisz do [], po przecinku kolejne wartosci
y = np.array([]) #wpisz do [], po przecinku kolejne wartosci

print(np.corrcoef(x,y)[0][1])

plt.scatter(x,y)
plt.show()
```

STRING

Baza danych STRING ma na celu zbieranie, ocenianie i integrowanie wszelkich publicznie dostępnych źródeł informacji na temat interakcji między białkami, a także uzupełnienie ich o prognozy komputerowe. Jej celem jest stworzenie kompleksowej i obiektywnej globalnej sieci, obejmującej zarówno bezpośrednie (fizyczne), jak i pośrednie (funkcjonalne) interakcje białkowe.

Zadanie4 Wejdź na [STRING: functional protein association networks \(string-db.org\)](http://string-db.org) a następnie przeanalizuj zestaw potencjalnych genów markerowych dla prognozy raka piersi. Wybierz *Multiple proteins*, a jako organizm *Homo sapiens*.

EFNA1

EGFR

ERBB2

GATA3

GZMB

MST1

MYB

MYBL2

MYC

PLAT

SOX4

SOX9

SRF

XBP1

Następnie *Search* i *Continue*. Wejdź w zakładkę *Analysis*.

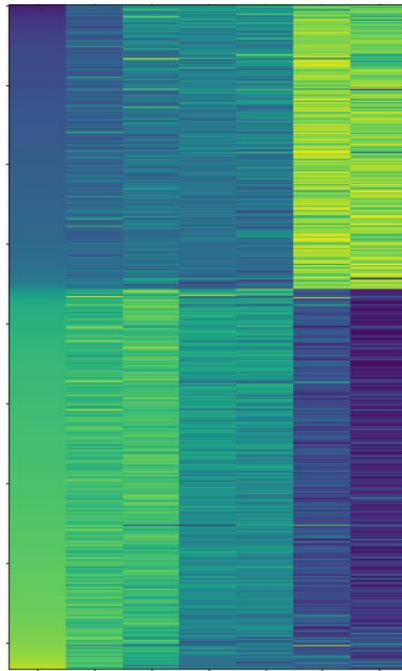
- Jakie 3 *procesy biologiczne* mają najmniejszy *FDR (false discovery rate)* w rozważanej grupie genów?
- Która *funkcja molekularna* ma najmniejszy *FDR (false discovery rate)* w rozważanej grupie genów?
- Która *ścieżka KEGG* ma najmniejszy *FDR (false discovery rate)* w rozważanej grupie genów?

Zadanie5 Poniżej zamieszczono dane odnośnie ekspresji genów w komórkach drożdży podczas procesu oddychania – fermentacji alkoholowej. Wyróżniamy dwa główne etapy tego procesu:

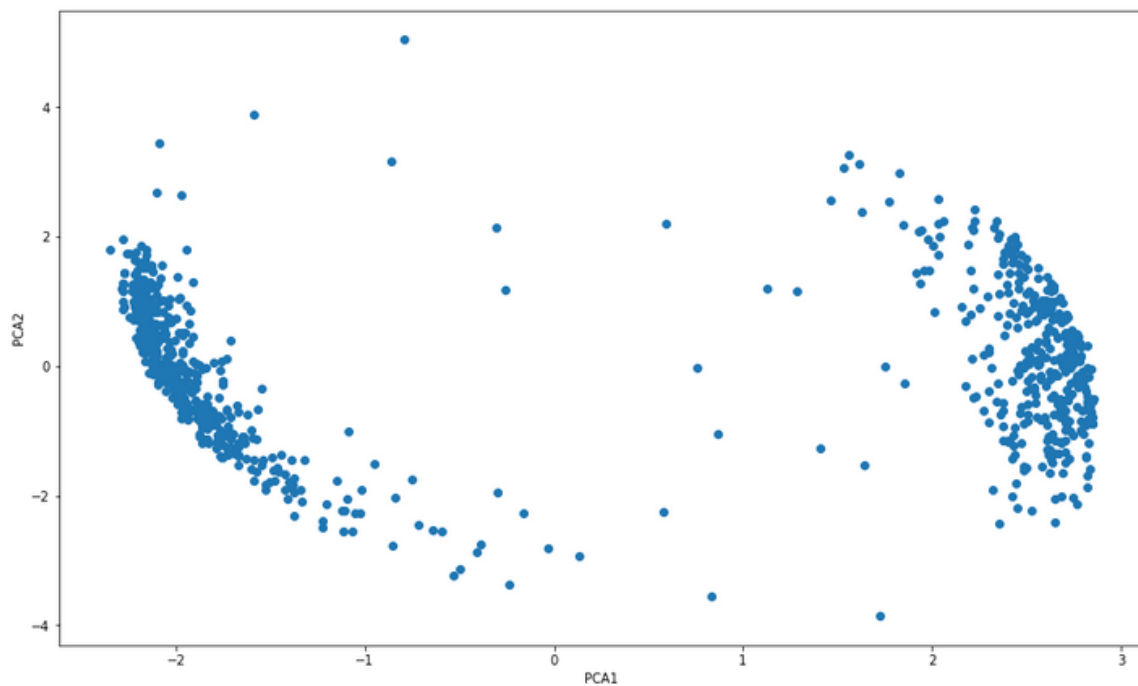
- rozkład glukozy do kwasu pirogronowego,
- przemianę kwasu pirogronowego do alkoholu.

Każdy z etapów kontrolowany jest przez 2 klasy genów odpowiedzialnych za te procesy. Dane pochodzą z 7 chwil czasowych (kolejne kolumny). Skomentuj i porównaj poniższe wyniki w kontekście powyższych informacji. W jaki sposób podzieliłbyś rozważane chwile czasowe?

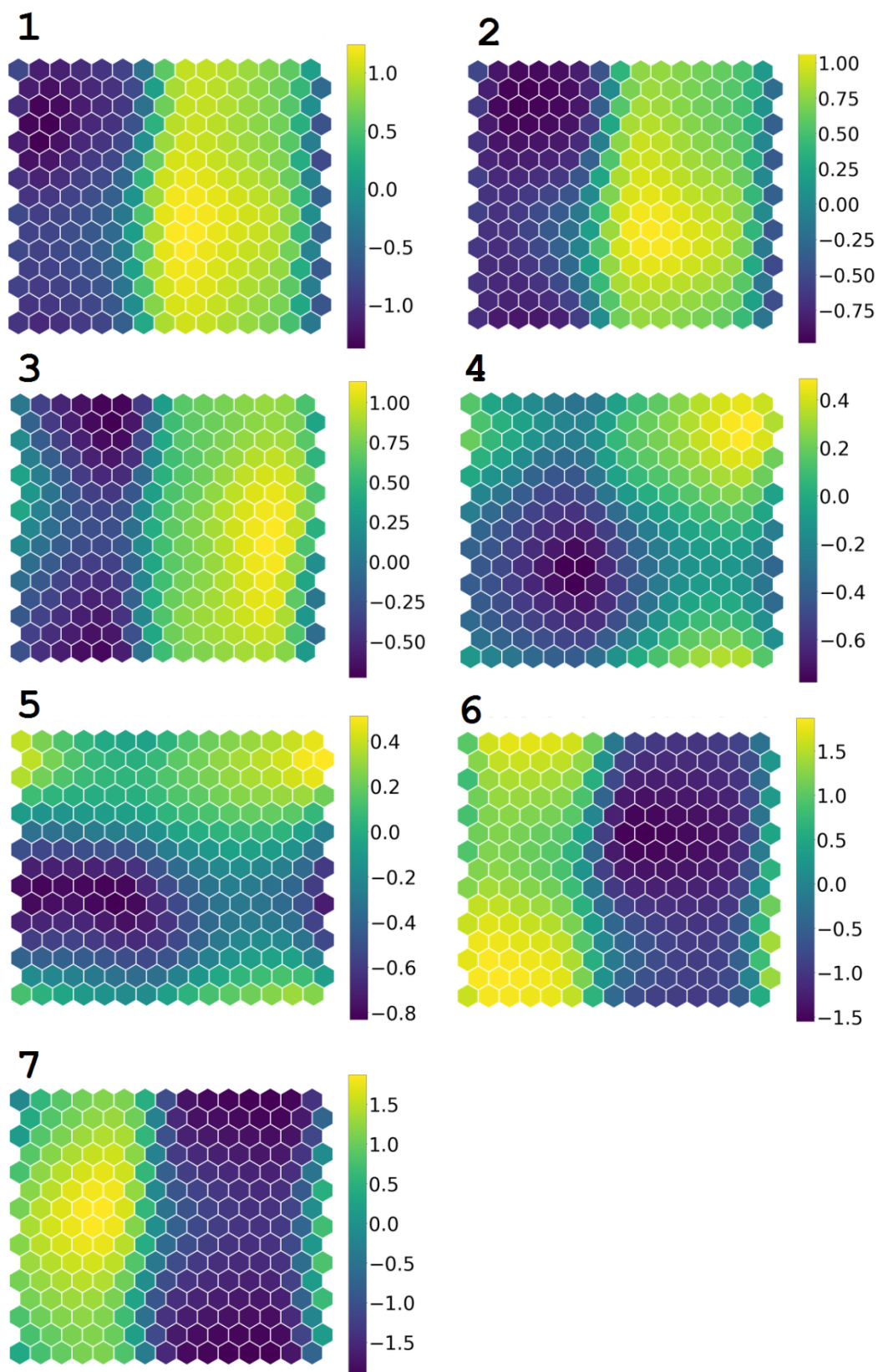
- rozważana mikromacierz (geny zostały posortowane względem pierwszej chwili czasowej):



- po zastosowaniu algorytmu PCA, gdzie jako kolejne obserwacje wybrano wiersze (geny) z powyższej macierzy:



- mapy Kohonena dla kolejnych chwil czasowych. Kolor wskazuje na poziom ekspresji określonej grupy genów:



Zadanie6 Wejdź na stronę https://singlecell.broadinstitute.org/single_cell/. Znajdują się tam dane z eksperymentów scRNA-seq.

- Wyszukaj eksperyment: Single-cell transcriptomics of the spinal cord of a severe SMA mouse
- Czego dotyczył eksperyment? (*Summary*)
- Ile komórek i genów rozważano? (**Summary**)
- Ile typów komórek rozważano (**Explore**)
- Sprawdź ekspresję genów: hemoglobiny (HBB) oraz SPARC wśród rozważanych typów komórek. W której grupie występuje największa ich ekspresja? (**Explore, search genes**)