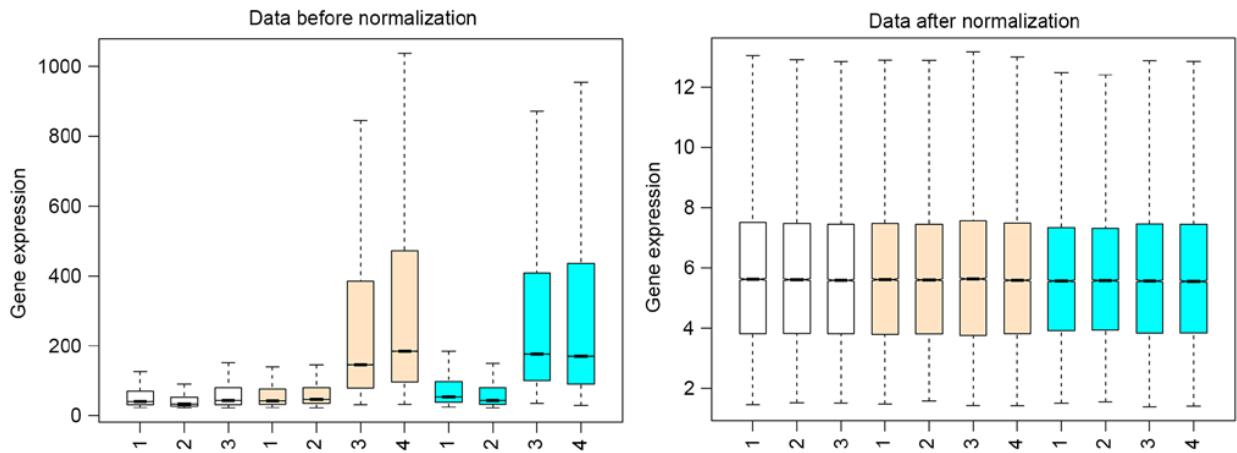


# Bioinformatyka 2 | 2025/2026

## Ćwiczenie 5. Mikromacierze

### Zadania wstępne

**Zadanie 1** 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.



Co biologicznie oznacza, że próbki po normalizacji mają zbliżone średnie?

**Zadanie 2** Przebadano grupę pacjentów z czerniakiem oraz kontrolę celem wytypowania grupy potencjalnych markerów chorobowych. W oparciu o metodę SVM zbudowano model postaci

$$f(A, B, C) = 0.6A - 0.02B - 0.4C$$

gdzie  $A, B, C$  to znormalizowane poziomy ekspresji trzech genów markerowych. Według modelu osoba o następującym profilu ekspresji genów jest chora

$$(A, B, C) = (0.8, 0.7, 0.2).$$

- Zdecyduj czy osoba o profilu ekspresji  $(0.6, 0.9, 0.4)$  jest chora?
- Stosując metodę rekurencyjnej eliminacji cech (RFE) uprość model do dwóch genów.  
Czy przewidywanie modelu dla (a) zmieniło się?

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

Gen A	0.7	0.74	0.90	1.05	1.2	1.31
Gen B	1.5	1.32	1.1	1.2	0.72	0.60

Możesz użyć poniższy kod napisany w języku Python. Dodatkowo, możesz narysować wykres  $y(x)$  [plt.scatter z matplotlib].

```
from scipy import stats
res = stats.spearmanr([], []) #[] lista wartosci x, [] lista wartosci y
print(res.statistic)
print(res.pvalue)
```

## Studium przypadku

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

**Zadanie4** 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 ekspresje 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**)
- Podaj przykłady 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**) Czy obserwujesz jakieś tendencje zmiany poziomu ich ekspresji w kolejnych grupach? Poszukaj w źródłach zewnętrznych informacji za odpowiadającą te geny oraz ich związku z chorobą Alzheimera.
- Czym są *housekeeping genes*? Jaką pełnią rolę w eksperymencie mikromacierzowym? Wybierz trzy przykładowe geny tej kategorii i sprawdź ich ekspresje w kolejnych próbkach. Jaka ona jest?

## ***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.*

**Zadanie5** 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

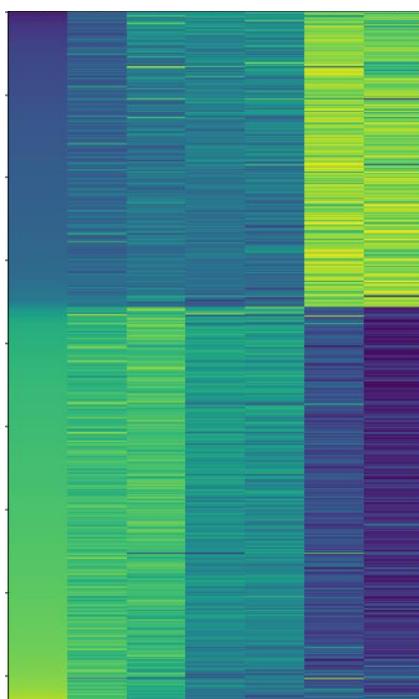
- Jakie 3 procesy biologiczne mają najmniejszy *FDR (false discovery rate)* w rozważanej grupie genów?
- Która funkcja molekularna ma najmniejszy *FDR (false discovery rate)* w rozważanej grupie genów?
- Która ścieżka KEGG ma najmniejszy *FDR (false discovery rate)* w rozważanej grupie genów?

**Zadanie6** Poniżej zamieszczono dane dotyczące ekspresji genów w komórkach drożdży podczas procesu oddychania – fermentacji alkoholowej. Wyróżniamy dwa główne etapy tego procesu:

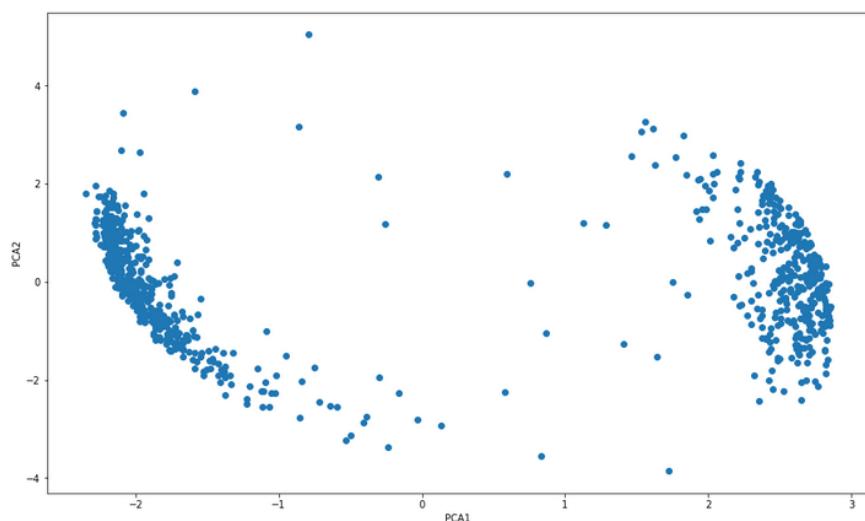
- rozkład glukozy do kwasu pirogronowego,
- przemianę kwasu pirogronowego do alkoholu.

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?

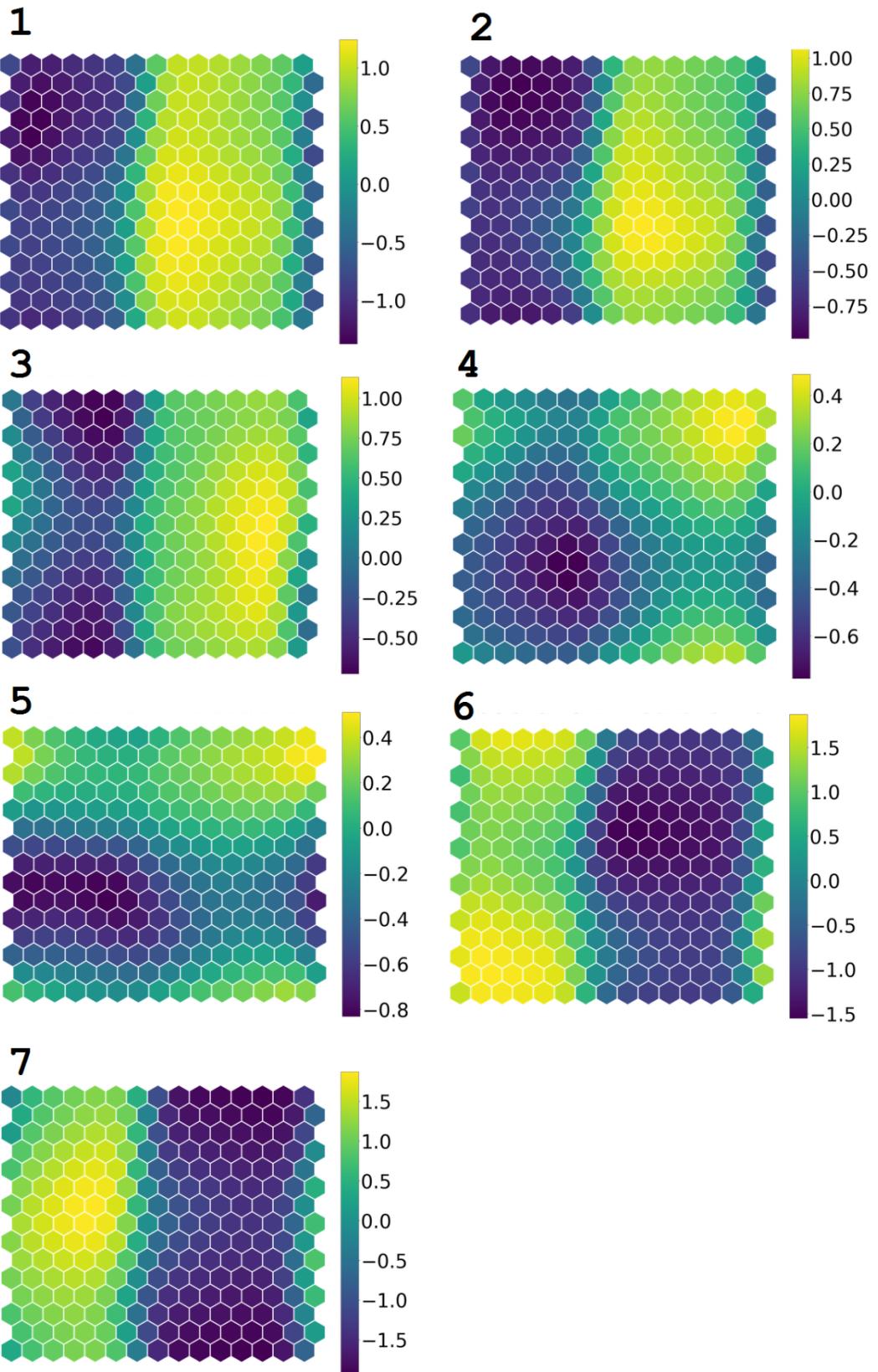
- rozważana mikromacierz (geny zostały posortowane względem pierwszej chwili czasowej):



- 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:



## Zadanie uzupełniające

**Zadanie7** Wejdź na stronę [https://singlecell.broadinstitute.org/single\\_cell/](https://singlecell.broadinstitute.org/single_cell/). Znajdują się tam dane z eksperymentów scRNA-seq. Wyszukaj eksperiment: Single-cell transcriptomics of the spinal cord of a severe SMA mouse i odpowiedz na poniższe pytania.

- Czego dotyczył eksperiment? (**Summary**)
- Ile komórek i genów rozważano?
- Ile typów komórek rozważano?

Dodatkowo, sprawdź ekspresję genów: hemoglobiny (HBB) oraz SPARC wśród rozważanych typów komórek. W której grupie występuje największa ich ekspresja? (**Explore, search genes**)