

Esame per la sezione di immunologia quantitativa del corso “introduction to data analysis for data and social sciences”

May 22, 2023

È richiesto un riassunto sintetico di un articolo a scelta tra quelli proposti sotto. Potete consegnare il riassunto nella modalità che preferite. Potete anche includere (se volete) figure o schemi presi dal paper, da altre fonti o fatte da voi. Non ci sono vincoli di lunghezza ma sarà premiata la sintesi ed, in generale, è consigliato rimanere sotto le 2-3 pagine (incluse figure). Anche la struttura del resoconto è libera ma dovrà essere un discorso logico e coerente e dovrà essere messa in evidenza l'idea generale del lavoro, come gli autori motivano la sua rilevanza scientifica nel contesto attuale e i risultati principali ottenuti (basandosi in generale su introduzione, discussione e figure). Sono apprezzate anche critiche o commenti personali. Le sezioni dei risultati tipicamente sono le parti più tecniche e verrà richiesto di approfondire e discutere solo alcune sezioni. Una lettura delle altre sezioni può comunque essere utile per una migliore comprensione del lavoro. Cerate anche di limitare l'uso di equazioni.

Detecting T cell receptors involved in immune responses from single repertoire snapshots [1]

È l'articolo su cui si basa l'algoritmo di arricchimento dato il network di similarità visto a lezione. La sezione risultati è breve, quindi sarà da fare tutta.

Inferring the immune response from repertoire sequencing [2]

È l'articolo su cui si basa l'ultima parte delle lezioni. Molti (ma non tutti) dei concetti sono esattamente gli stessi visti a lezione. Riguardo i risultati, approfondite le sezioni “Modeling repertoire variation” e “Inferring the noise profile from replicate experiments” facendo una sintesi dei risultati tecnici che vengono ottenuti.

Immune fingerprinting through repertoire similarity [3]

Studio non direttamente visto a lezione ma che usa diversi concetti introdotti. Le prime due sezioni di risultati da leggere, “Immprint scores”, “Measuring error rates”.

Extensive age-dependent loss of antibody diversity in naturally short-lived turquoise killifish [4]

Articolo di applicazione del modello di VDJ recombination visto a lezione e studio della diversità del sistema immunitario di un particolare tipo di pesci. Risultati da discutere: “aging in whole-body killifish repertoires” and “the killifish generative repertoire”.

References

- [1] Mikhail V Pogorelyy, Anastasia A Minervina, Mikhail Shugay, Dmitriy M Chudakov, Yuri B Lebedev, Thierry Mora, and Aleksandra M Walczak. Detecting t cell receptors involved in immune responses from single repertoire snapshots. *PLoS Biology*, 17(6):e3000314, 2019.
- [2] Maximilian Puelma Touzel, Aleksandra M Walczak, and Thierry Mora. Inferring the immune response from repertoire sequencing. *PLOS Computational Biology*, 16(4):e1007873, 2020.
- [3] Thomas Dupic, Meriem Bensouda Koraichi, Anastasia A Minervina, Mikhail V Pogorelyy, Thierry Mora, and Aleksandra M Walczak. Immune fingerprinting through repertoire similarity. *PLoS Genetics*, 17(1):e1009301, 2021.
- [4] William John Bradshaw, Michael Poeschla, Aleksandra Placzek, Samuel Kean, and Dario Riccardo Valenzano. Extensive age-dependent loss of antibody diversity in naturally short-lived turquoise killifish. *Elife*, 11:e65117, 2022.