



Tytuł kursu: Wykorzystanie narzędzi bioinformatycznych do określania ekspresji genów/transkryptów przy użyciu technologii NGS (Next Generation Sequencing – sekwencjonowanie DNA technologiami następnych generacji).

DR INŻ. PAWEŁ ŁABAJ

Zagadnienia:

- Next Generation Sequencing (NGS) - teoria i zastosowanie
- NGS dla określania ekspresji genów/transkryptów - protokoły RNA-Seq (sekwencjonowanie mRNA przy użyciu NGS) i sposoby analizy danych
- zalety i wady RNA-Seq w kontekście komplementarnej wysokoprzepustowej technologii mikromacierzowej
- charakterystyka ogólna technologii NGS i szczegółowa wybranych realizacji – konsekwencje odnośnie wyboru sposobu analizy i interpretacji wyników
- metod analizy danych RNA-Seq: przegląd wybranych dostępnych rozwiązań, charakterystyka wyzwań i dalsze kierunki rozwoju
- praktyczna analiza danych RNA-Seq wraz z interpretacją wyników z wykorzystaniem najnowszych rozwiązań akademickich

Opis kursu:

Kurs będzie się składał z części teoretycznej i praktycznej. Ze względu na fakt, że analiza danych RNA-Seq jest czasochłonna obie części będą się odbywały w naprzemiennych blokach.

Mile widziana będzie podstawowa znajomość systemów komputerowych i języków programowania / komputerowej analizy danych. Praktyczna część kursu prawie w całości będzie się odbywała z wykorzystaniem środowiska R.

Nabyte umiejętności:

Uczestnik kursu będzie w stanie omówić proces określania ekspresji genów/transkryptów przy użyciu technologii NGS, ewolucję technologii sekwencjonowania i dziedziny zastosowania. Uczestnik będzie znał popularne realizacje technologii NGS i sposoby analizy otrzymywanych danych RNA-Seq (sekwencjonowanie mRNA przy użyciu NGS). Uczestnik będzie w stanie porównać wysokoprzepustowe technologie do określania ekspresji genów/transkryptów (RNA-Seq z mikromacierzami) z wyszczególnieniem wad i zalet każdej z nich. Wiedza ta da podstawy do samodzielnej oceny, w jakich typach eksperymentów dana technologia powinna być technologią pierwszego wyboru.

Uczestnik kursu będzie umiał samodzielnie przeprowadzić podstawową analizę danych RNA-Seq z wykorzystaniem rozwiązań akademickich typu open-source (w środowisku R). Uczestnik kursu będzie umiał przeprowadzić krytyczną ocenę dostępnych rozwiązań do analizy danych wraz z określeniem pozostających wyzwań bazując na wiedzy o sposobie działania poszczególnych realizacji technologii NGS. Będzie również umiał wyjaśnić uzyskane wyniki analizy danych w kontekście charakterystyki technologii NGS. Uczestnik kursu będzie umiał przeprowadzić analizę zarówno na poziomie genów jak i transkryptów oraz wyciągnąć wnioski z porównania wyników. analizy przeprowadzonej na tych dwóch poziomach.