

Vak: Praktijkopdracht thema 7

credits: 6

Vakcode	BFVH3TH7
Naam	Praktijkopdracht thema 7
Studiejaar	2022-2023
ECTS credits	6
Taal	Nederlands
Coördinator	M. Kempenaar

Werkvormen	Practicum / Training
Toetsen	Th. 7 - Praktijk - Overige toetsing

Leeruitkomsten

Na het volgen van de cursus is de student in staat om zelfstandig:

- Het verkennen van online data-bronnen (o.a. de NCBI Gene Expression Omnibus) voor gen expressie data sets, gegeven een set van project eisen.
- Het uitvoeren van pre-processing en normalisatie stappen op ruwe RNA-Seq data komende uit één of meerdere bestanden.
- Het uitvoeren van beschrijvende statistiek (scatter-, density- en QQ-plots) voor kwaliteitscontrole van genormaliseerde data.
- Het visualiseren van complexe gen-expressie data middels boxplots, histogrammen, heatmaps en volcano-plots.
- Het identificeren van Differentially Expressed Genes (DEGs) middels handmatig uitvoeren van statistische toetsen (t-toets en/ of ANOVA) en gebruik makend van R Bioconductor pakket (keuze uit DESeq2, edgeR en limma).
- Het combineren van gevonden DEGs met (KEGG-)pathways gebruik makend van R pakketten en/ of online bronnen (o.a. de Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID)).
- Het beheren en het zelf installeren van R pakketten benodigd tijdens de cursus.

Inhoud

Dit thema draait om het onderzoeken van genexpressie op een genomische schaal. RNA-seq (RNA sequencing) is een high-throughput sequencing technologie die het mogelijk maakt om de expressie van alle genen in een genoom tegelijk te onderzoeken. Dit maakt het bijvoorbeeld mogelijk te analyseren welke genen betrokken zijn bij een bepaalde ziekte of ontwikkelingsproces. De analyse wordt uitgevoerd op een zelf gekozen, gepubliceerd, onderzoek uit een online databank.

Beoordeling

Het project en functioneren van de student wordt op meerdere manieren getoetst. Na project keuze en een eerste inventarisatie wordt er een plan-van-aanpak gepresenteerd. Het volledige onderzoek, van het inlezen van de data tot het visualiseren van de eindresultaten, wordt vastgelegd in een RMarkdown document; een combinatie van code, visualisaties en beschrijvende tekst. Uit dit document worden de belangrijkste conclusies en figuren gebruikt voor het maken van een kort, wetenschappelijk, verslag en een poster welke wordt gepresenteerd.

Literatuur en andere bronnen

Literatuur

- Bioinformatics and Functional Genomics 3rd ed (2015). Jonathan Pevsner.
 - Hoofdstuk 10: Bioinformatic Approaches to Ribonucleic Acid (RNA)
 - Hoofdstuk 11: Gene Expression: Microarray and RNA-seq Data Analysis

Web

- Blackboard course thema 07
 - Presentaties/ lesmateriaal
 - Course Syllabus
 - Code uitwerkingen n.a.v. opdrachten
- Github repository: https://mkempenaar.github.io/gene_expression_analysis/
 - Cursusmateriaal
 - Code voorbeelden
 - Planning

Opgenomen in opleiding(en)

Bio-Informatica

School(s)

Instituut voor Life Science & Technology

share your talent. move the world.