



CB207V Analys av mRNA-seq, ChIP-seq och ATAC-seq data 7,5 hp

Computational Analyses of mRNA-seq, ChIP-seq and ATAC-seq

När kurs inte längre ges har student möjlighet att examineras under ytterligare två läsår.

Fastställande

Kursplanen gäller från och med VT 2025 enligt fakultetsnämndsbeslut: C-2024-1059.
Beslutsdatum: 2024-06-12.

Betygsskala

P, F

Utbildningsnivå

Avancerad nivå

Huvudområden

Bioteknik

Särskild behörighet

Avklarad examensarbete med minst 15hp, och 7,5 hp studier inom cellbiologi, molekylärbiologi, genomik, bioteknologi eller bio(medicinska)vetenskaper. Engelska B/6.

Undervisningspråk

Undervisningspråk anges i kurstillfällesinformationen i kurs- och programkatalogen.

Lärandemål

Efter godkänt kurs ska studenterna kunna:

- Beskriva koncepten genomik och epigenomik.
- Förstå hur olika kromatireglerare styr genomet och dess organisation.
- Identifiera genomets funktionella regioner.
- Förklara hur histonmodifieringar och kromatinorganisation styr DNA-syntes och RNA-syntes.
- Nedladda ChIP-seq, mRNA-seq och ATAC-seq data från ENCODE.
- Förstå sekvenseringstekniker från biokemi till data-analys.
- Kartlägga kromatinets öppna regioner och proteiners bindningställen.
- Analysera mRNA-nivåer och utföra statistiska analyser av genuttryck.
- Utföra 'gene ontology' analyser och undersöka transkriptionella responser.
- Diskutera hur maskininlärning kan integreras i genomiska analyser.

Kursinnehåll

- **Introduktion till molekyllär genomik** - Genomik, epigenomik, kromatinanalyser.
- **Introduktion till RNA-biologi** - RNA-arter och deras analys.
- **Genomets reglerare** – Enzymer, transkriptionsfaktorer, polymeraser, helikaser.
- **Biokemin av sekvenseringstekniker** - från molekyler till sekvenseringsbibliotek.
- **Sekvensering** - Adaptorer, UMIs, klustrar, sekvensering-via-syntes.
- **Genomiska koordinater** - från rådata till densitetsprofiler och koordinater.
- **Bioinformatiska grunder** – Kort introduktion till shell och R.
- **ChIP-seq och ATAC-seq** - Protein-DNA-interaktioner och kromatinets tillstånd.
- **MEME-ChIP** – Identifiering av DNA-sekvenser som binds av proteiner.
- **mRNA-seq** – Kvantifiering av genuttryck via mätning av mRNA-nivåer.
- **DESeq2 och Gene Ontology** – Statistiska analyser av gener och gengrupper.
- **Integrering av genomiska data** – Kombinerande och visualisering av data.
- **Tillgänglighet av data och kod** - GEO, SRA, ENCODE, GitHub.
- **Utmaningar och möjligheter** - Normalisering, resolution, renhet. Maskininlärning inom genomik.

Examination

- DEL1 - 80% närvaro och utförda uppgifter, 4,0 hp, betygsskala: P, F

- PRO1 - Utfört projektarbete, 2,5 hp, betygsskala: P, F
- SEM1 - Grupparbete och presentation under seminarietillfället, 1,0 hp, betygsskala: P, F

Examinator beslutar, baserat på rekommendation från KTH:s handläggare av stöd till studenter med funktionsnedsättning, om eventuell anpassad examination för studenter med dokumenterad, varaktig funktionsnedsättning.

Examinator får medge annan examinationsform vid omexamination av enstaka studenter.

Etiskt förhållningssätt

- Vid grupparbete har alla i gruppen ansvar för gruppens arbete.
- Vid examination ska varje student ärligt redovisa hjälp som erhållits och källor som använts.
- Vid muntlig examination ska varje student kunna redogöra för hela uppgiften och hela lösningen.