

22 мая 2015, 10.00 - лекция "Pathway analysis"

В этой лекции мы продолжим тематику начатую в предыдущей лекции ("RNA-seq concepts") и сфокусируемся на методах анализа данных экспрессии генов на уровне pathways. Мы рассмотрим различные параметрические и непараметрические методы анализа включая hypergeometric enrichment, а также Gene Set Enrichment опирающийся на статистику Колмогорова-Смирнова. В контексте активации иммунных клеток (макрофагов) мы рассмотрим работу с базами данных по экспрессии генов и научимся работать с программами для манипулирования данными экспрессии генов такими как Gene-E.