



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI DI MILANO-BICOCCA

SYLLABUS DEL CORSO

Single-cell RNA sequencing data preprocessing and analysis

2425-117R-RNACell

Titolo

Preprocessing e analisi dei dati di RNA sequencing a singola cellula

Docente(i)

Chiara Damiani

Lingua

Inglese

Breve descrizione

Questo corso fornisce una formazione teorica e pratica sull'analisi dei dati di sequenziamento dell'RNA a singola cellula (scRNA-seq), con un focus su metodi basati sul sequencing. I partecipanti apprenderanno i passaggi chiave del preprocessing, inclusi controllo qualità, normalizzazione e selezione delle caratteristiche, e acquisiranno esperienza pratica su clustering, riduzione dimensionale e analisi dell'espressione differenziale. Alla fine del corso, i partecipanti dimostreranno la propria competenza completando una valutazione pratica, analizzando un dataset a loro scelta.

Obiettivi formativi

- Comprendere i passaggi di preprocessing per i dati di sequenziamento dell'RNA a singola cellula, inclusi controllo qualità, normalizzazione e selezione delle caratteristiche.
- Effettuare clustering, riduzione dimensionale e analisi dell'espressione differenziale su dataset scRNA-seq.
- Acquisire esperienza pratica con strumenti e flussi di lavoro per l'analisi dei dati scRNA-seq.
- Dimostrare la capacità di analizzare e interpretare in modo autonomo i dati scRNA-seq attraverso una valutazione pratica.

Materiale del corso

I partecipanti riceveranno:

- Slide delle lezioni e appunti
- Dataset di esempio per esercitazioni
- Template di codice per preprocessing e analisi

Calendario del corso

Giorno 1:

Mattina (Teoria):

- Introduzione all'analisi dei dati scRNA-seq
- Panoramica dei metodi basati sul sequencing
- Concetti chiave: conte grezze, controllo qualità e normalizzazione dei dati
- Introduzione agli strumenti più utilizzati (Seurat, Scanpy)

Pomeriggio (Pratica):

- Sessione pratica: Preprocessing dei dati scRNA-seq
- Controllo qualità: filtraggio delle cellule e delle caratteristiche di bassa qualità
- Normalizzazione dei dati e gestione degli effetti batch
- Salvataggio dei dati preprocessati per analisi successive

Giorno 2:

Mattina (Teoria):

- Workflow di analisi scRNA-seq
- Tecniche di riduzione dimensionale (PCA, t-SNE, UMAP)
- Clustering e identificazione dei tipi cellulari
- Analisi dell'espressione differenziale per la scoperta di marker

Pomeriggio (Pratica):

- Sessione pratica: Analisi e visualizzazione dei dati
- Esecuzione di clustering e riduzione dimensionale
- Visualizzazione dei risultati con feature plot, heatmap e proiezioni UMAP
- Conduzione di analisi dell'espressione differenziale e interpretazione dei risultati

Valutazione

Alla fine del corso, i partecipanti analizzeranno un dataset di sequenziamento dell'RNA a singola cellula a loro scelta, utilizzando gli strumenti e i metodi trattati. Il completamento con successo della valutazione pratica dimostrerà la competenza nell'analisi dei dati scRNA-seq.

Software e strumenti

- Google Colab: Piattaforma basata su browser per eseguire script in Python senza necessità di installazione locale. I partecipanti avranno bisogno di un account Google per accedere a Colab.
- Galaxy: Piattaforma web-based per analisi bioinformatiche, accessibile tramite qualsiasi browser moderno. Non è richiesta installazione locale.

CFU / Ore

8 ore

Periodo di erogazione

27 e 28 gennaio 2025

Sustainable Development Goals
