

## Projekt XX: Biologisk datamining og eksperimentel undersøgelse af sygdomsgener i mus

<i>Vejleder:</i>	Kim Ravnskjaer, ravnskjaer@bmb.sdu.dk Frederik T. Larsen, tibert@bmb.sdu.dk Daniel Hansen, danielhansen@bmb.sdu.dk
<i>Institut:</i>	Institut for Biokemi og Molekylær Biologi
<i>Praktisk del:</i>	Undersøgelse af sygdomsgener i leverfibrose
<i>Gruppeplacering:</i>	BMB
<i>Gruppetørrelse:</i>	Mindst 3 og maks 6 deltagere. En gruppe kan arbejde med projektet.
<i>Kommentar:</i>	Ingen
<i>Henvendt til:</i>	Projektet tilbydes til Biologi, Biomedicin, BMB og Kemi studerende.
<i>Nøgleord:</i>	Next-generation sequencing, single-cell RNA-sekventering, leverfibrose, genregulering, global health, dyremodeller.

### Beskrivelse

Undersøgelse af genregulering ved sekventering af DNA og RNA (next-generation sequencing, NGS) er i dag afgørende for vores forståelse af sundhed og sygdom. Stadig større datamængder og sofistikerede analyser giver et helt unikt indblik i de ofte meget komplekse sygdomsmekanismer, der ligger bag vor tids store dræbere: Hjertekarsygdomme, cancer og de øvrige fibrotiske sygdomme.

Som gruppe er de fibrotiske sygdomme den hyppigste dødsårsag på verdensplan. Fibrosen forårsages af kronisk betændelse og dannelse af arvæv i indre organer som lever, lunger, nyrer og hjerte. Leverfibrose har traditionelt været forbundet med alkoholisme, men opstår i dag lige så ofte hos personer, der er svært overvægtige eller lider af type-II diabetes. Leverfibrose kan forårsage leversvigt og leverkræft, men de molekylære ændringer, der sammenkæder fedme og diabetes med fibrose i leveren, er endnu uklare.

Analysen af de meget store mængder data er dog også en flaskehals, der forsinker ny viden om samspillet mellem kroppens celler, årsagerne til sygdom, samt udviklingen af ny medicin.

I dette projekt lærer I den grundlæggende analyse NGS data fra forsøg med leverfibrose i mus. I vil blive introduceret til basale værktøjer til NGS analyse, og vil med disse kunne identificere mulige nye "sydngdomsgener" hos musene, bestemme transskriptionelle aktivatorer af disse gener, sammenligne med data fra patienter og meget andet. I kan prøve kræfter med datasæt fra både konventionel RNA-sekventering og single-cell RNA sekventering, og jeres fantasi sætter grænserne for jeres analyser og visualiseringer af data.

Når I har fundet mulige "sydngdomsgener", går vi i laboratoriet og undersøger disse eksperimentelt i leverbvæv eller leverceller, som vi isolerer fra raske eller syge mus. Projektet forudsætter ingen erfaring med NGS dataanalyse, men kendskab til R samt fortrolighed med Microsoft Excel eller tilsvarende kan være en fordel.

- Introduktion til NGS dataanalyse
- Identifikation af mulige sygdomsgener
- Isolering af celler og væv fra raske og syge mus
- Spatiale undersøgelser af transskripter og proteiner i væv

### Minikurser

Obligatorisk: Naturvidenskabelig informationskompetence, Præsentationsteknik

### Litteratur

Ingen litteratur opgivet.