

ITALIAN:

1. Dati per la Figura 1 (pannello sinistro del file PowerPoint): Gli studenti devono utilizzare il file Excel con i valori Ct ottenuti da tutti i gruppi di studenti del proprio turno. Si prega di notare che ogni dato sull'espressione genica per SFPQ, CCL5 e Actina nelle condizioni siControl e siSFPQ ottenuti da un gruppo di studenti corrisponde a un replicato biologico.
2. Dati per la Figura 2 (pannello destro del file PowerPoint): Gli studenti devono utilizzare i file Excel con i valori Ct di tutti gli studenti dei turni 1, 2 e 3. Si prega di notare che ogni dato sull'espressione genica per SFPQ, CCL5 e Actina nelle condizioni siControl e siSFPQ ottenuti da un singolo gruppo di studenti corrisponde a un replicato biologico. Pertanto, nella Figura 2 si avranno più replicati biologici rispetto alla Figura 1.
3. Calcolo passo 1 (per Fig. 1 e 2): Calcolare il deltaCt per ciascun replicato biologico (SFPQ versus Actina, CCL5 versus Actina).
4. Calcolo passo 2 (per Fig. 1 e 2): Calcolare i valori delta-deltaCt per i rispettivi replicati biologici (confronto siControl versus siSFPQ utilizzando i valori deltaCt del passo 3). Il risultato numerico corrisponde alle differenze nel numero di cicli di PCR.
5. Calcolo passo 3: Convertire la differenza nel numero di cicli di PCR (delta-deltaCt) di ciascun replicato biologico in una differenza di fold-change (ad esempio: delta-deltaCt di 2 corrisponde a un cambiamento di 4 volte nell'espressione genica tra siControl e siSFPQ).
6. Impostare il valore di espressione genica di ciascun gene siControl (SFPQ, CCL5) a 1.
7. Calcolo passo 4: Inserire il valore di fold-change in relazione al valore = 1. Ad esempio: siSFPQ: differenza di 4 volte rispetto a siControl: $1/4$ o 0,25. Questo valore è rilevante per la preparazione della figura. Ripetere per tutti i replicati biologici di Fig. 1 e 2.
8. Calcolo passo 4: Calcolare la media di tutti i valori (punto 7) per Fig. 1 e Fig. 2.
9. Calcolo passo 5: Calcolare la deviazione standard di tutti i valori (punto 7) per Fig. 1 e Fig. 2.
10. Calcolare il valore p utilizzando un test t di Student appaiato. Utilizzare tutti valori di fold-change (passo 7).
11. Preparazione della figura: Diagramma a barre, mostrando i valori medi (passo 8), la deviazione standard (passo 9) e il valore p (passo 10). Indicare sulla parte superiore delle barre (relative a siControl e siSFPQ) il numero di replicati biologici. Si noti che il numero di replicati biologici è diverso tra Fig. 1 e Fig. 2.
12. Generare una figura con lo stile trovato in una pubblicazione scientifica (un link e un esempio sono disponibili nel file PowerPoint).
13. Completare la presentazione rispondendo alle domande indicate.

14. Convertire il file ppt in file pdf; salvare e nominare il file: Turno X, Nome COGNOME.

15. Caricare nella cartella corrispondente su Moodle.

ENGLISH:

1. Data for Figure 1 (left panel of powerpoint file): Students should use the excel file with the Ct values obtained by all student groups in this turno. Please note, each data on gene expression for SFPQ, CCL5 and Actin of conditions siControl and siSFPQ obtained by a student group corresponds to a biological replicate.
2. Data for Figure 2 (right panel of powerpoint file): Students should use the excel files with the Ct values all students of turno 1, 2 and 3. Please note, each data on gene expression for SFPQ, CCL5 and Actin of conditions siControl and siSFPQ obtained by a individual student groups corresponds to a biological replicate. Thus, in Figure 2 you will have more biological replicates than in Figure 1
3. Calculation step1 (for Fig. 1 and 2): calculate deltaCt from all the respective biological replicates (SFPQ versus Actin; CCL5 versus Actin)
4. Calculation step 2 (For Fig. 1 and 2): calculate the deltadeltaCt values for the respective biological replicates (comparison siControl versus siSFPQ using delta Ct values of step 3). The numeric result corresponds to PCR cycle number differences
5. Calculation step 3: convert PCR cycle number difference of each biological replicate to a fold-change difference (for example: deltadeltaCt of 2 corresponds to a 4 fold change in gene expression between siControl and siSFPQ).
6. Set for each siControl gene expression data (SFPQ, CCL5) value = 1
7. Calculation step 4: put the fold change value in relation to the value = 1. For example: siSFPQ: 4-fold difference to siControl: $1/4=0,25$. This value is relevant for preparing the figure. Repeat for all biological replicates of Fig. 1, 2.
8. Calculation step 4: calculate the average of all values (point 7) for Fig. 1 and Fig.2
9. Calculation step 5: calculate the standard deviation of all values (point 7) for Fig. 1 and Fig.2.
10. Calculate the p-value using a paired students t-test. Use all the fold-change difference values (step 7).
11. Prepare the figure: bar plot, showing average values (step 8), standard deviation (step 9) and p-value (step 10). Indicate on top of the bars (related to siControl and siSFPQ) the number of biological replicates. Note, the number of biological replicates is different between Fig. 1 and Fig. 2.
12. Generate a figure with the style found in a scientific publication (a link to and example can be found in the powerpoint file).
13. Complete the powerpoint by answering to the indicated questions.

14. Convert ppt file on pdf file; save and name the file: Turno X, Nome COGNOME.
Upload to the corresponding folder on Moodle.