

Vak: Bio-Informatica 3

credits: 3

Vakcode BFVH19BIN3
Naam Bio-Informatica 3
Studiejaar 2023-2024
ECTS credits 3
Taal Nederlands
Coördinator M. Herber

Werkvormen Hoorcollege
Toetsen Bio-Informatica 3 - Computer, organisatie
ToetsCentrum

Leeruitkomsten

- De theorie achter Multiple Sequence Alignment en fylogenie kennen
- De theorie van de mapping en assembly algoritmen kennen
- De link kunnen leggen tussen fylogenie, evolutie en eiwitstructuur
- De componenten van een NGS pipeline kennen en begrijpen welke afwegingen bij het ontwerp te maken

Inhoud

In deze module wordt verder ingegaan op de stof van Theorie van Bioinformatica 1. Multiple Sequence Alignment en computational fylogeny worden geïntroduceerd en de link met evolutietheorie wordt gelegd. Ook komen nog snellere, maar minder accurate, sequentie-matching algoritmen aan bod; Burrows-Wheeler en De Bruijn-graphs. Deze vormen de basis van Next-Generation Sequencing read-mapping (voor RNAseq) en de-novo assembly (DNAseq). Er wordt stilgestaan bij de manier waarop deze algoritmen werken en hoe steeds de afweging wordt gemaakt tussen snelheid en exactheid, en wat dit betekent voor de resultaten van een NGS analyse.

Literatuur:

Pevsner Bioinformatics and Functional Genomics (3rd edition).

Chapter 6 Multiple Sequence Alignment

Chapter 7 Phylogeny

Chapter 9 Next Generation Sequencing

Powerpoint presentaties (Blackboard)

Blackboard course Thema 9

Opgenomen in opleiding(en)

Bio-Informatica

School(s)

Instituut voor Life Science & Technology