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 geintroduceerd 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

share your talent. move the world.

De ECTS onderwijscatalogus van de Hanzehogeschool Groningen wordt met de grootst mogelijke zorg samengesteld. Het is echter mogelijk dat de inhoud van de catalogus -en de daarin vervatte informatie- verouderd, incompleet of onjuist is. Aan de inhoud van de catalogus kunnen dan ook geen rechten worden ontleend.