Vak: Genomics & Transcriptomics — credits: 10

Vakcode	BFVH23GENOMICS
Naam	Genomics & Transcriptomics
Studiejaar	2025-2026
ECTS credits	10
Taal	Nederlands
Coördinator	M. Kempenaar
Werkvormen	Projectonderwijs
Toetsen	Genomics - Overige toetsing Transcriptomics - Overige toetsing

Leeruitkomsten

Deze module kent de volgende leeruitkomsten:

1. Je ontwerpt, implementeert, documenteert en evalueert een genoomanalyse pipeline voor het bepalen van varianten binnen een workflow manager, zoals Galaxy.
1. Je ontwerpt, implementeert, documenteert en evalueert een expressie-analyse pipeline voor het bepalen en interpreteren van expressie patronen.
1. Je kunt met behulp van relevante tools en visualisaties beoordelen of een NGS data set van voldoende kwaliteit is en deze zo nodig verbeteren.
1. Je kunt statistische analyses toepassen op genomics en/ of transcriptomics data in relatie tot fenotypes en externe factoren, en de resultaten daarvan visueel weergeven en interpreteren.
1. Je kunt door middel van annotatie biologische kennis koppelen aan gevonden resultaten. Bijvoorbeeld het linken van structurele varianten aan aandoeningen of met *pathway* en/ of *(gene-set) enrichment-* analyse de effecten van een transcriptomics experiment interpreteren.
1. Je houdt voor alle analyses een logboek bij waarin de genomen stappen en resultaten worden opgenomen.
1. Je presenteert je onderzoeksresultaten op een aantrekkelijke manier en op het juiste niveau aan je medestudenten.

DAS Competenties

Competentie	**Niveau (I-IV)**
Onderzoeken	II
Experimenteren	I
Beheren	I
Adviseren	I
Instrueren | Begeleiden | Doceren | Coachen	I
Projectmatig werken	
Zelfsturing	I

Inhoud

Tijdens dit grote 10 EC project komen meerdere facetten van het werken aan genoomonderzoek aan de orde. Je zoekt hiervoor naar een geschikte – gepubliceerd, bijvoorbeeld beschikbaar in de NCBI SRA - data set waarmee de beide projecten (‘genomics’ & ‘transcriptomics’) doorlopen worden. Tijdens het genomics project ga je op zoek naar variaties tussen de gevonden data set en een referentie genoom. Een belangrijk aspect hierbij is het beoordelen van de kwaliteit van de data (de ‘ruwe-reads’) alvorens een analyse pipeline op te zetten in een workflow-manager. Gevonden varianten annoteer en interpreteer je op biologisch effect.
Verder dien je enkele statistische concepten eigen gemaakt te hebben om zo de benodigde analyses uit te kunnen voeren voor het transcriptomics project. Zo gebruiken we statistische toetsen om te bepalen welke genen significant afwijkende patronen laten zien en een enrichment analyse om deze groep genen aan de biologische functie te koppelen. Je rapporteert uitgebreid met visualisaties om gemaakte keuzes te valideren en de resultaten te presenteren.
Om je onderzoek reproduceerbaar te maken is het maken van een logboek ook een onderdeel van deze module. In dit logboek houd je de gemaakte stappen en de bijhorende resultaten bij.
Om o.a. statistische analyses te kunnen doen wordt een basisniveau programmeren in R verwacht zoals te volgen in module ‘1.4.1: De wetenschappelijke cyclus’. Voor het uitwerken van (stappen van) een analyse pipeline is ervaring met een terminal vereist.

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.