AG Hankeln – MSc Modul 7 A/B/C

iomE
Institut für Organismische und Molekulare Evolutionsbiologie

JG|U

Genomforschung & Sequenzanalyse

- Einführung in Methoden der Bioinformatik -

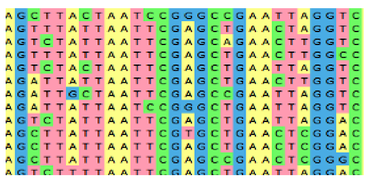
Modulteil A

- immer in Winter-Semesterferien (meist Mitte März)
- Vorlesung (17-18.30 Uhr) & 2-wöchiges Computer-Praktikum
- Prüfungsform: Klausur (60 min), Seminarvortrag (20 min; in Englisch)

NCBI EMBL-EBI

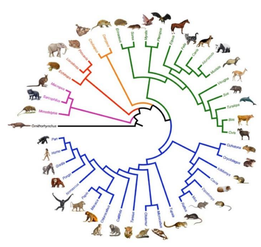
Wie finde ich DNA- und Proteinsequenzen?

Strategien der Gensuche, NCBI/EBI, Genbank, SRA, UCSC Genombrowser



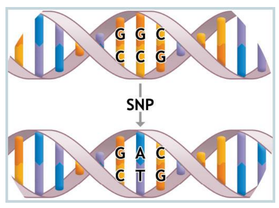
Wie mache ich Sequenzalignments?

Needleman-Wunsch, Smith-Waterman, BLAST, Multiple Alignments (Clustal, MAFFT)



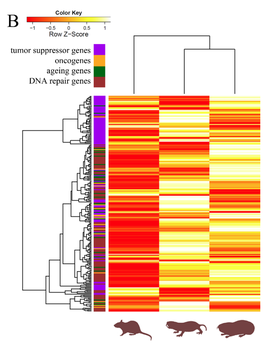
Wie rekonstruiere ich die Evolution?

Evolutionsmodelle, UPGMA, Neighbour-joining, Maximum likelihood (RAxML, IQ-Tree), Bayesian-Phylogenie



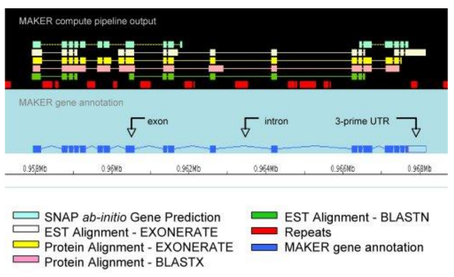
Wie identifiziere ich menschliche Krankheitsgene?

Exom-Sequenzierung per Illumina-NGS, SNP/SNV, Trio-Analyse, Mendel und Vererbungsmodi



Wie messe ich die Aktivität von Genen im Transkriptom?

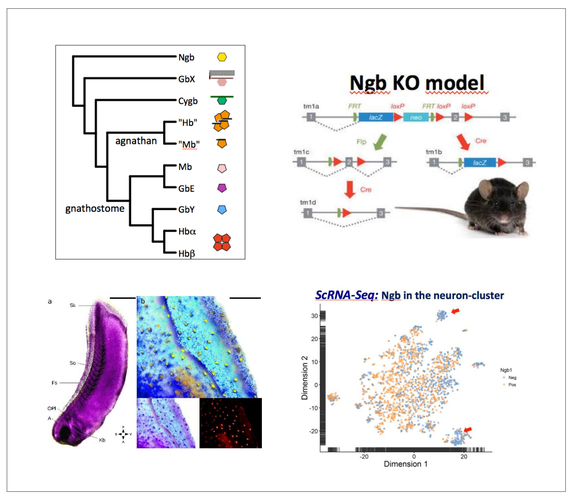
RNA-Seq per Illumina-NGS, Statistik (DE-Seq), Gene-Set-Enrichment, funktionelle Gene Ontology Annotation, Arbeit mit Linux, Einführung in Single-cell-RNA-Seq



Wie sequenziere, assembliere und annotiere ich neue Genome?

Sanger- & Illumina-NGS-Daten, Long-Read PacBio-Daten, de Bruijn-Graph-basierte Assemblierung (SPADES), Evidenz-basierte und *ab initio*-Genvorhersage und Genannotation (MAKER, BRAKER)

Modulteil B



- 4-6 Wo; Termine ganzjährig nach Vereinbarung
- Prüfungsform: Bericht in Form einer wissenschaftlichen Arbeit sowie kurzer Vortrag in der AG

Einbindung in laufende Forschungsprojekte der AG, je nach Fragestellung mit bioinformatischen und/oder molekularbiologischen Methoden. (Einzelbetreuung!)

Modulteil C

- Vorlesung aus Teil A (Klausur 60 min) plus Seminarvortrag (20 min)

Kontakt: hankeln@uni-mainz.de