

STUDEREN AAN DE HAN: BIOINFORMATICA

JAAR 1

Bier brouwen & databases

De bio-informatica studenten gaan in deze course bier brouwen. Tijdens de glisting worden metingen gedaan en deze meetgegevens worden opgeslagen in een zelf ontworpen en gebouwde database. Er wordt ook aandacht besteed aan de opbouw en groei van een gistcel en welke energetische en biologische processen er plaatsvinden tijdens het fermentatie proces.

Belangrijke begrippen: Linux, SQL, ERD, databases, Cel, Glycolyse, Fermentatie, Cytroenzuursysteem, Oxidatie en reductie, Rekensvaardigheden.

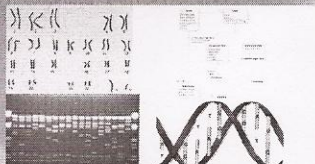


JAAR 2

Software modelleren (UML) & Genomics

In dit project wordt een stuk onbekend genomisch DNA onderzocht. Met verschillende annotatiemethoden worden genen en andere sequentiekennmerken in dit gDNA gedetecteerd. Het proces wordt met behulp van Python geautomatiseerd. De herkomst van het organisme wordt bepaald op basis van homologie van de gevonden genen met andere organismen.

Belangrijke begrippen: Python, Object-georiënteerd, UML, Software engineering, BLAST, Annotatie, DNA technieken, Kloneren, Nextgen sequencing.



JAAR 3

STAGE OF MINOR (1/2 JAAR)



JAAR 4

STAGE OF MINOR (1/2 JAAR)



Genetische mutaties & Python I

In de programmeertaal Python worden eenvoudige programma's geschreven om de analyse van biologische sequenties te automatiseren. Dit zijn bijvoorbeeld programma's om in sequenties te zoeken, om ze te vergelijken, of om ze te vertalen.

Centraal staat het opsporen van een genetische mutatie bij een ziektebeeld. Met behulp van bioinformatica (OMIM, genoom browser) en laboratorium technieken (PCR, gel electrophoresis) wordt met behulp van markers naar de locatie van het ziekte gen op het genoom gezocht.

Belangrijke begrippen: Python, Flowchart, DNA replicatie, Transcriptie en translatie, Genetica, Primer design, Orbitaal model, zuren en basen.

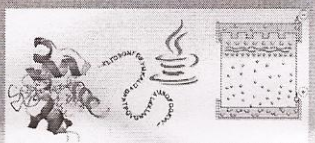


Proteomics & Java

Er wordt gewerkt aan het analyseren, ontwerpen en bouwen van software in Java voor de analyse van biologische gegevens.

Experimentele Massa Spectrometrie data wordt onderzocht om eiwitten te detecteren die betrokken zijn bij een bepaald fenotype, bijvoorbeeld een humaan ziektebeeld. De eiwitten worden geclassificeerd op sequentie, structuur en functie niveau.

Belangrijke begrippen: Java, Statistiek, Chromatografie, SDS-PAGE, MS, Domain, Motif, PDB.



Eiwit structuren & Data mining

Om grote hoeveelheden biologische data te analyseren koppelen studenten computers aan elkaar (Grid) en gebruiken ze grafische kaarten van PC's (normaal gebruikt voor 3D games). Hiermee creëren we onze eigen super computer op basis van gewone PC's.

Biologische onderzoeksmethoden en data mining technieken worden toegepast en bestudeerd om onderzoek te doen naar het ontstaan van kanker. De structuur en functie van eiwitten wordt hierbij betrokken.

Belangrijke begrippen: Data mining, Grid, GPGPU, RNAi, ELISA, Transcriptiefactoren.



AFSTUDEERSTAGE (1/2 JAAR)

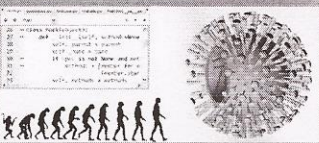


Genoomanalyse & Python II

De programmeertaal Python wordt gebruikt om biologische gegevens te visualiseren en te automatiseren. Extra aandacht is er ook voor het testen en documenteren van de programma's.

Aan de hand van het vogelgriepvirus H5N1 wordt de evolutie van het influenza genoom bestudeerd. Hiervoor worden virus-aftypen onderzocht op verschillende sequentie kenmerken en met elkaar vergeleken.

Belangrijke begrippen: Python, Evolutie, Homologie, Fylogenie, Sequencing, Multiple Sequence Alignment, Organische chemie van biomoleculen.

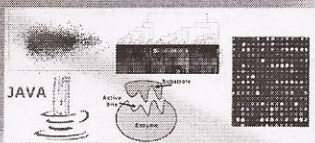


Transcriptomics & BioJava

De student analyseert, ontwerpt en bouwt complexe software voor de analyse van biologische gegevens. Daarbij wordt gebruik gemaakt van complexe datastructuren en algoritmen.

Centraal staan de bioinformatica methoden voor het analyseren van transcriptomics data. Dit wordt toegepast op de analyse van micro-array data om differentieel gen expressie, co-expressie en eventueel co-regulatie aan te tonen.

Belangrijke begrippen: Datastructuren, Algoritmen, Micro-array, Normalisatie, Clustering, Statistische analyse, Data visualisatie, Eiwitfunctie, Enzymen, Vrije energie en chemische reacties.



Onderzoeksproject

In deze course wordt een onderzoeksproject uitgevoerd van een externe opdrachtgever. Er wordt ingewerkt op de vraagstelling en een ontwerp gemaakt voor een onderzoeksstrategie. Uiteindelijk worden de resultaten gepresenteerd aan de opdrachtgever.

Voor het onderzoeksproject ontwerpen de studenten een workflow waarmee benodigde webservices aan elkaar worden gekoppeld.

Belangrijke begrippen: RNA sequencing, Bioinformatica, Data integratie, Webservices, Workflows, XML, Service Oriented Architecture, Experimentele onderzoeksmethoden.



Malaria & Biopython

In het malaria project onderzoeken de studenten experimentele gegevens door middel van bioinformatica hulpmiddelen. Ze ontwerpen een applicatie om geautomatiseerd tot een voorspelling te komen welke eiwitten van de malaria parasiet in aanmerking komen voor vaccin ontwikkeling. Hiervoor richten zij een relationele database in en ontkijken met behulp van Python en Biopython een web-applicatie.

Belangrijke begrippen: Biopython, Software engineering, Regulatie van genexpressie, BLAST, Proteomics tools, Stabiliteit van verbindingen in anorganische moleculen.



Fylogenie & Webtechnologie

Textmining technieken worden toegepast op nieuwe, biologisch significante verbanden in wetenschappelijke publicaties te vinden. De studenten bouwen een textmining applicatie die nieuwe verbanden onthult in de miljoenen beschikbare publicaties en middels een webapplicatie visualiseert.

Daarnaast wordt er aandacht besteed aan Fylogenie. Er wordt ingegaan op bioinformatica methoden voor het beschrijven van patronen in eiwitsequenties, multiple sequence alignments, populatie genetica en fylogenetisch onderzoek.

Belangrijke begrippen: Webtechnologie, Textmining, Fylogenie, Multiple sequence alignments.

