

Computationele biologie (C003789)

Wegens Covid19 kan mogelijk afgeweken worden van de onderwijs- en evaluatievormen. Dergelijke afwijkingen zullen via Ufora worden gecommuniceerd.

Cursusomvang *(nominale waarden; effectieve waarden kunnen verschillen per opleiding)*

Studiepunten 6.0 **Studietijd 180 u** **Contacturen** 60.0 u

Aanbodsessies en werkvormen in academiejaar 2020-2021

A (semester 2)	Nederlands	Gent	werkcollege: PC- klasoefeningen	20.0 u
			project	12.5 u
			hoorcollege	30.0 u

Lesgevers in academiejaar 2020-2021

Dawyndt, Peter	WE02	Verantwoordelijk lesgever
----------------	------	---------------------------

Aangeboden in onderstaande opleidingen in 2020-2021

Bachelor of Science in de informatica	stptn	aanbodssessie
	6	A

Onderwijstalen

Nederlands

Trefwoorden

Rekenmethoden, moleculaire biologie, genoomstructuur, genpredictie, sequenties aligneren, fylogenie, vergelijkend genoomonderzoek, analyse van genexpressie

Situering

Waar komt SARS vandaan? Hebben wij genen geërfd van de Neanderthalers? Hoe gebruiken planten hun interne klok? Hoeveel genetisch materiaal wordt er uitgewisseld tussen bacteriële soorten? De genomische revolutie in de biologie maakt het mogelijk om een antwoord te vinden op elk van deze vragen. Maar deze revolutie zou onmogelijk geweest zijn zonder de ondersteuning van krachtige computationele en statistische methodes die toelaten om gebruik te maken van deze genomische informatie (1.3). Oplossen van openstaande en toekomstige problemen die opduiken in dit intrigerend onderzoeksdomein (1.2) vereist de opleiding van een volgende generatie onderzoekers, die zich vloeiend kunnen uitdrukken in de taal van de wiskunde, informatica en biologie (3.1,3.2,3.5).

Ontdek de wereld van de computationele biologie doorheen een aantal case studies die zijn uitgewerkt in Matlab/Python. Deze case studies stellen de student in staat om zichzelf vertrouwd te maken met de terminologie en de basisprincipes van de moleculaire biologie, en bieden een overzicht van de waaier aan computationele technieken die gebruikt worden in dit groeiende onderzoeksdomein (2.1,2.2,2.4). Dit opleidingsonderdeel eefft de weg om vlot dit onderzoeksgebied te kunnen binnenstappen (1.6,5,1.5.5). Het loodst de studenten langs te belangrijkste verwezenlijkingen van de bioinformatica, gebaseerd op een praktijkgerichte benadering. Statistische sequentie-analyse, alignering van sequenties, hidden Markov modellen, genpredictie en andere zaken (1.1) worden op een nauwgezette maar toegankelijke manier aangebracht.

Inhoud

- Inleiding tot de celbiologie
- Statistische eigenschappen van sequenties
- Genpredictie
- Sequenties aligneren

- Probabilistische sequentiemodellen (hidden Markov models)
- Genetische variatie binnen en tussen soorten
- Evolutie: natuurlijke selectie op moleculair niveau
- Fylogenetische analyse
- Vergelijking van complete genomen
- Genexpressiepatronen
- Identificatie van regulerende sequenties

Begincompetenties

Basiskennis van waarschijnlijkheidstheorie, algoritmische concepten en programmeervaardigheden zijn essentieel. Beheersen van de programmeertaal Python en kunnen werken met wetenschappelijke modules (numpy, scipy, matplotlib) zijn vereisten. Er wordt geen voorkennis van de moleculaire biologie verondersteld, aangezien doorheen dit opleidingsonderdeel voldoende tijd zal worden uitgetrokken om de biologische achtergrond te schetsen. Het is noodzakelijk om over een gezonde dosis interesse in de biologische aspecten van het probleemdomein te beschikken.

Eindcompetenties

- 1 Inzicht in statistische en algoritmische strategieën voor sequentie- en genexpressie-analyse.
- 2 Aanvoelen hoe en waarom wiskunde en informatica een rol kan spelen in het hedendaags biologisch onderzoek.
- 3 Kunnen lezen en begrijpen van recente wetenschappelijke artikels over genomische onderwerpen, en in staat zijn om de methodes voor gegevensverwerking die erin voorkomen te beoordelen.
- 4 Vertrouwd zijn met de standaard technieken en problemen, én de huidige en toekomstige uitdagingen uit het onderzoeksdomein van de computationele biologie.
- 5 Verwerven en verwerken van genomische onderzoeksgegevens.

Creditcontractvoorwaarde

Toelating tot dit opleidingsonderdeel via creditcontract is mogelijk mits gunstige beoordeling van de competenties

Examencontractvoorwaarde

Dit opleidingsonderdeel kan niet via examencontract gevolgd worden

Didactische werkvormen

Hoorcollege, project, werkcollege: PC-klasoefeningen

Toelichtingen bij de didactische werkvormen

Begeleide werkcolleges in de PC-zaal, waarbij de uitgevoerde analyses periodiek gerapporteerd moeten worden.

Leermateriaal

Handboek: Compeau P, Pevzner P (2015). Bioinformatics algorithms: an active learning approach. Active Learning Publishers. 2 volumes: ISBN-13:978-0990374619 and ISBN-13:978-0990374626.

Rekencluster waarop de nodige software voorgeïnstalleerd is
Bijkomend leermateriaal wordt ter beschikking gesteld via de elektronische leeromgeving Ufora

- diavoorstelling in Powerpoint uit de hoorcolleges
- (publiek) beschikbare software tools
- wetenschappelijke tijdschriften met betrekking tot computationele biologie
- informatieve websites

Geraamde totaalprijs: 0 EUR

Referenties

Durbin R., S. Eddy, A. Krogh en G. Mitchinson. Biological Sequence Analysis - Probabilistic models of proteins and nucleic acids, Cambridge University Press, 1998. (ISBN-13: 978-0521629713 | ISBN-10: 0-521-62971-3)

Felsenstein J., Inferring Phylogenies, Sinauer Associates, 2003. (ISBN-13: 978-0878931774 | ISBN-10: 0-878-93177-5)

Gusfield D., Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology, Cambridge University Press, 1997. (ISBN-13: 978-0521585194 | ISBN-10: 0-521-58519-8)

Jones N.C. en P.A. Pevzner, An Introduction to Bioinformatics Algorithms, MIT Press, Cambridge, MA, 2004. (ISBN-13: 978-0262101066 | ISBN-10: 0-262-10106-8)

(Goedgekeurd)

Setubal C. en J. Meidanis, Introduction to Computational Molecular Biology, PWS Publishing, 1997. (ISBN-13: 978-0534952624 | ISBN-10: 0-534-95262-3)

Mount D.W., Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001. (ISBN-13: 978-0879697129 | ISBN-10: 0-879-69712-1)

Vakinhoudelijke studiebegeleiding

Algoritmische aspecten van de computationele biologie die tijdens de hoorcolleges aan bod komen, worden geïllustreerd aan de hand van een reeks case studies die uitgewerkte zijn in Matlab of Python. Sommige case studies komen tijdens de hoorcolleges aan bod, terwijl andere case studies onder begeleiding zelfstudie door de student moeten worden uitgewerkt tijdens werkcolleges (in computerklas) of onder de vorm van verplichte projecten. Centraal hierbij staat een doorgedreven gebruik van de elektronische leeromgeving Ufora, waarbij feedback en bijkomend leer materiaal kan worden uitgewisseld tussen de begeleiders en de studenten onderling.

Evaluatiemomenten

niet-periodegebonden evaluatie

Evaluatievormen bij periodegebonden evaluatie in de eerste examenperiode

Evaluatievormen bij periodegebonden evaluatie in de tweede examenperiode

Evaluatievormen bij niet-periodegebonden evaluatie

Portfolio, werkstuk, verslag

Tweede examenkans in geval van niet-periodegebonden evaluatie

Examen in de tweede examenperiode is mogelijk

Toelichtingen bij de evaluatievormen

Studenten worden geëvalueerd door een reeks van programmeeroefeningen die als verplicht huiswerk moeten uitgewerkt worden (niet-periodegebonden evaluatie: 60%) en een individueel project (periodegebonden evaluatie: 40%).

Eindscoreberekening

Niet-periode gebonden evaluatie (60%) en periodegebonden project-evaluatie (40%).