



Opsummering og vigtige begreber – Anvendt bioinformatik - sekvensanalyse

Baseret på kapitel 9 side 193-218

Når du har læst kapitel 9 **Anvendt bioinformatik - sekvensanalyse** bør du kunne

- Forklare hvad bioinformatik er og give eksempler på anvendelsesmuligheder
- Redegøre for hvad stregkodegener er
- Redegøre for parvise og multiple alignments samt forskelle i globale og lokale alignments
- Forklare hvordan proteinsekvenser kan sammenlignes i alignments
- Redegøre for hvordan der kan dannes et konsensusgen
- Forklare princippet i hierakisk shutgunsekventering
- Redegøre for genetisk variation, herunder copy-number-variation
- Kende til databasesøgning (BLAST)
- Redegøre for metagenomanalyser
- Forklare princippet i eDNA-metabarcoding
- Redegøre for mikrobiotaundersøgelser
- Forklare princippet i qPCR
- Redegøre for anvendelsesmuligheder ved brug af associationskortlægning
- Redegøre for fordele og eventuelle etiske problemer ved anvendelse af genetiske sundhedsprofiler.

Forklar med egne ord de nedenstående begreber:

	Begreb	Egen forklaring
1	18S rRNA	
2	Stregkodegener	
3	Sanger-sekventering	
4	NGS	
5	Homologe nucleotid- eller proteinsekvenser	
6	Alignment	
7	Globalt alignment	
8	Lokalt alignment	
9	Transition	



10	Transversion	
11	Proteinalignment	
12	Substitutionsmatrice	
13	Shutgunsekventering	
14	Konsensussekvens	
15	Copy-number-variation	
16	Metagenomanalyse	
17	eDNA-metabarcoding	
18	qPCR	
19	SNP	
20	Associations-kortlægning	
21	Genetisk profil	