

26/01/2019

# WORKSHOP DAG VAN BIOLOGIE EN NW

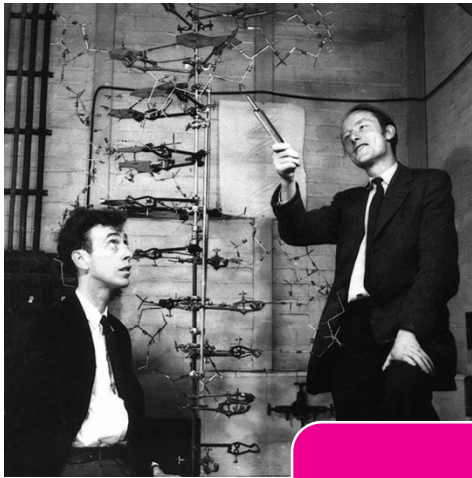
JASPER DECUYPER

**WORKSHOP: SIKKELCELANEMIE EN  
BIO-INFORMATICA**

## LEERDOELEN

- Opzoeken sequentie informatie in courante bio-informatica databanken
- Aligneren van sequenties voor de detectie van (genetische) variatie
- Lokalisatie en visualisatie van genen op het humaan genoom via “genome browsing”
- Visualiseren eiwitstructuren met behulp van een 3D-modellingprogramma
- Koppelen structuurinformatie aan biologische en fysiologische eigenschappen van eiwitten

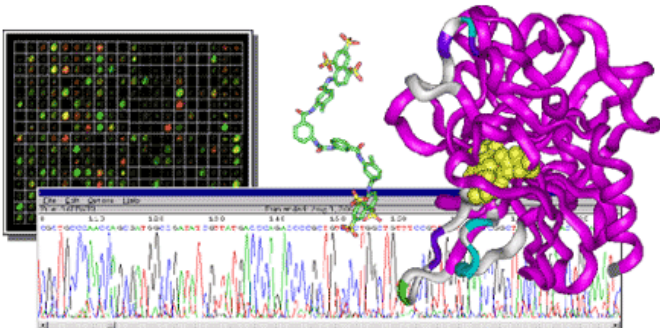
# INLEIDING TOT BIO-INFORMATICA



Moleculaire  
Biologie

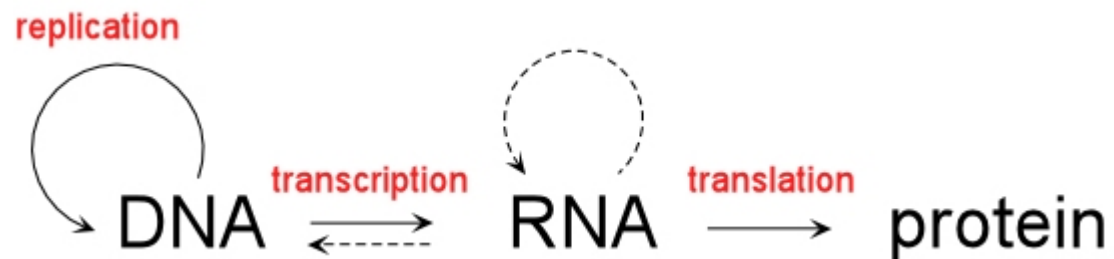
Informatie  
Technologie

Bio-  
informatica



## MOLECULAIRE BIOLOGIE

- Voornaamste doorbraken
  - Ontcijferen van de genetische code (= DNA)
  - Evolutie en genetische diversiteit
  - Centraal dogma in moleculaire biologie:



TTATATTGAATTTTCAAAAATTCCTACTTTTTTTTTGGATGGACGCAAAGAAGTTTAATAATCATATTACATGGCATTACCACCATATACATATCCATATCTAATCT  
TACTTATATGTTGTGGAAATGTAAAGAGCCCCATTATCTTAGCCTAAAAAACCTTCTCTTTGGAACCTTTCAGTAATACGCTTAACTGCTCATTGCTATATTGAAGT  
ACGG **SEQUENTIE VAN HET VOLLEDIGE HUMANE GENOOM ...** CAGATGTGCCCTCGCGC  
CGCA AAATTAACGAATCAAA  
TTAACCAACCATAGGATGATAATGCGATTAGTTTTTTAGCCTTATTTCTGGGGTAATTAATCAGCGAAGCGATGATTTTTGATCTATTAACAGATATATAAATGGAAA  
AGCTGCATAACCACTTTAACTAATACTTTCAACATTTTCAGTTTGTATTACTTCTTATTCAAATGTCATAAAAAGTATCAACAAAAAATTGTTAATATACCTCTATAC  
TTTAACGTCAAGGAGAAAAACTATAATGACTAAATCTCATTGAGAAAGTATGATTGTACCTGAGTTCAATTCTAGCGCAAAGGAATTACCAAGACCATTGGCCGAA  
AAGTGCCCGAGCATAATTAAGAAATTTATAAGCGCTTATGATGCTAAACCGGATTTTGTGCTAGATCGCCTGGTAGAGTCAATCTAATTGGTGAACATATTGATTA  
TTGTGACTTCTCGGTTTTACCTTTAGCTATTGATTTTGATATGCTTTGCGCCGTCAAAGTTTTGAACGATGAGATTTCAAGTCTTAAAGCTATATCAGAGGGCTAAG  
CATGTGATTCTGAATCTTTAAGAGTCTTGAAGGCTGTGAAATTAATGACTACAGCGAGCTTTACTGCCGACGAAGACTTTTTCAAGCAATTTGGTGCCTTGATGAA  
CGAGTCTCAAGCTTCTTGCATAAACTTTACGAATGTTCTTGTCCAGAGATTGACAAAATTTGTTCCATTGCTTTGTCAAATGGATCATATGGTTCCCGTTTGACCG  
GAGCTGGCTGGGGTGGTTGTACTGTTCACTTGGTTCCAGGGGGCCAAATGGCAACATAGAAAAGGTAAAAGAAGCCCTTGCCAATGAGTTCTACAAGGTCAAGTAC  
CCTAAGATCACTGATGCTGAGCTAGAAAATGCTATCATCGTCTCTAAACCAGCATTGGGCAGCTGTCTATATGAATTAGTCAAGTATACTTCTTTTTTTTACTTTGT  
TCAGAACAACCTTCTCATTTTTTTTCTACTCATAACTTTAGCATCACAAAATACGCAATAATAACGAGTAGTAACACTTTTATAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAA  
TAAATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCACAACTTTAAAACACAGGGACAAAATTTCTTGATATGCTTTCAACCGCTGCGTTTTGGA  
TACCTATTCTTGACATGATATGACTACCATTTTGTATTGTACGTGGGGCAGTTGACGTCTTATCATATGTCAAAGTTGCGAAGTTCTTGGCAAGTTGCCAAGTAC  
GAGATGCAGTAACACTTTTATAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAATAAATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCACAACTTTAAA  
ACACAGGGACAAAATTTCTTGATATGCTTTCAACCGCTGCGTTTTGGATACCTATTCTTGACATGATATGACTACCATTTTGTATTGTACGTGGGGCAGTTGACGTC  
TTATCATATGTCAAAGTCATTTGCGAAGTTCTTGGCAAGTTGCCAAGTACGAGATGCAGTTTCTTACGCATAATAAGAATAGGAGGGAATATCAAGCCAGACAATC  
TATCATTACATTTAAGCGGCTCTTCAAAAAGATTGAACTCTCGCCAACCTTATGGAATCTTCCAATGAGACCTTTGCGCCAAATAATGTGGATTTGGAAAAAGAGTAT  
AAGTCATCTCAGAGTAATATAACTACCGAAGTTTATGAGGCATCGAGCTTTGAAGAAAAAGTAAGCTCAGAAAAACCTCAATACAGCTCATTCTGGAAGAAAATCTA  
TTATGAATATGTGGTCGTTGACAAATCAATCTTGGGTGTTTCTATTCTGGATTCATTTATGTACAACCAGGACTTGAAGCCCGTCGAAAAAGAAAGGCGGGTTTTGGT  
CCTGGTACAATTTATTGTTACTTCTGGCTTGGCTGAATGTTTCAATATCAACACTTGGCAAATTCAGCTACAGGTCTACAACCTGGGTCTAAATTTGGTGGCAGTGTGG  
ATAACAATTTGGATTGGGTACGGTTTCGTTGGTGCTTTTTGTTGTTTTGGCCTCTAGAGTTGGATCTGCTTATCATTGTGATTCCTATATCATCTAGAGCATCATT  
CGGTATTTTCTTCTTTTATGGCCCGTTATTAACAGAGTCGTCATGGCCATCGTTTTGGTATAGTGTCCAAGCTTATATTGCGGCAACTCCCGTATCATTAAATGCTGA  
AATCTATCTTTGGAAAAGATTTACAATGATTGTACGTGGGGCAGTTGACGTCTTATCATATGTCAAAGTCATTTGCGAAGTTCTTGGCAAGTTGCCAAGTACGAGAG  
TGCAGTAACACTTTTATAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAATAAATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCACAACTTTAAAACAC  
AGGGACAAAATTTGATATGCTTTCAACCGCTGCGTTTTGGATACCTATTCTTGACATGATATGACTACCATTTTGTATTGTTTATAGTTCATACATGCTTCAAC  
TACTTAATAAATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCTTATAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAATAAATGATTGTATGATAATGTT  
TTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCTTATAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAATAAATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCTTA  
TAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAATAAATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCTTATAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAATA  
AATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTAAGAGATTTGATTTATCCTTATAGTTCATACATGCTTCAACTACTTAATAAATGATTGTATGATAATGTTTTCAATGTA



TTATATTGAATTTTCAAAAATTCTTACTTTTTTTTTGGATGGACGCAAAGAAGTTTAATAATCATATTACATGGCATTACCACCATATACATATCCATATCTAATCT  
TACTTATATGTTGTGGAAATGTAAAGAGCCCCATTATCTTAGCCTAAAAAACCTTCTCTTTGGAACTTTCAGTAATACGCTTAACTGCTCATTGCTATATTGAAGT  
ACGG ... EN VAN VELE ANDERE SPECIES ... TCCTCGTCTTCACCGGTCGCGTTCCCTC ... GCGC  
CGCA ... AAATTGGCAGTAACCTGGCCCCACAA ... CAAA  
TTAACCAACCATAGGATGATAATGCGATTAGTTTTTTAGCCTTATTTCTGGGGTAATTAATCAGCGAAGCGATGATTTTTTGATCTAT ... GGAAA  
AGCTGCATAACCACTTTAACTAATACTTTCAACATTTTTAGTTTGTATTACTTCTTATTCAAATGTCATAAAAAGTATCAACAAAA ... ATAC  
TTTAACGTCAAGGAGAAAAACTA ... ATTCAGAAGAAGTGATTGTACCTGAGTTCAATTCTAGCGCAAAGGA ... CCGAA  
AACTCCCCACCATAATTAACAAA ... GATGCTAAACCG ... GAGTCAATCT ... GATTA  
TT ... TCAATCTTAAGCTATATCAGAGGGGCTAAG  
CA ... ACT ... CCTTGATGAA  
CG ... TCAAAATGG ... CGTTTGACCG  
GA ... CCTGCCAATGAGTTCTACA ... AGTAC  
CO ... TAGT ... AGTATACTT ... TTTGT  
TO ... TTT ... TACTACTTAA  
TA ... CTTGATA ... AACCGCTGCGTTTTGGA  
TA ... TTGCGAAG ... CAAGTTGCCAACTGAC  
GAGATGCA ... TAAGAGATTTCC ... ATCCACAAACTTTAAA  
ACACAGGG ... TGL ... CTTACGTC  
TTATCATA ... GGAATA ... CAATC  
TATCATT ... TGTGGATTTGGAAAAAGAGTAT  
AAGTCATC ... GCTCATTCTGGAAGAAAATCTA  
TTATGAAT ... GAAAAAGAAAGCGGGTTTTGGT  
CCTGGTAC ... TCTAAATGGTGGCAGTGTTGG  
ATAACAAT ...  
CGGTATTT ...  
AATCTATC ...  
TGCAGTAA ...

... EN VAN VELE ANDERE SPECIES



**1000 Genomes**  
A Deep Catalog of Human Genetic Variation

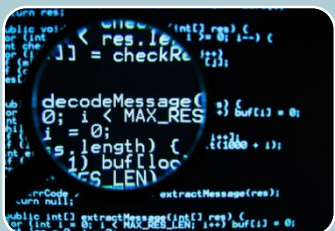
## BELANG VAN BIO-INFORMATICA



Opslag, organisatie en delen van moleculair biologische data in databanksystemen



Dataverwerking en analyse met behulp van bio-informatica tools in een “dry lab”



Integratie door scripting en automatiseren van bio-informatica tools



## DATABANKEN

- Alle data wordt gestockeerd en georganiseerd in publieke databanken



Humaan genoom  
in boekvorm

Oplossing:  
Databanken

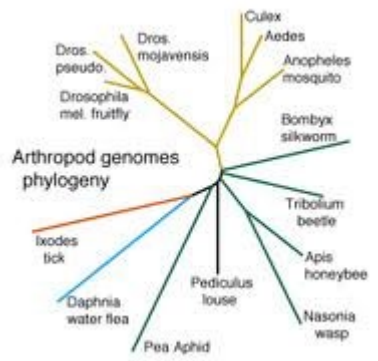
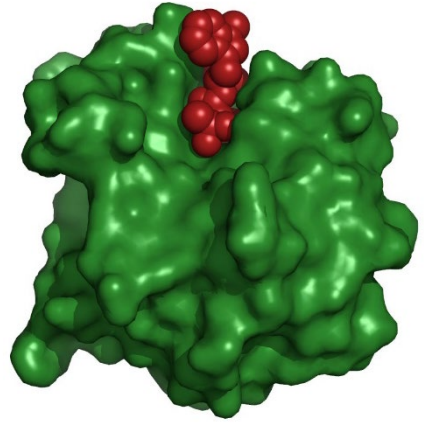
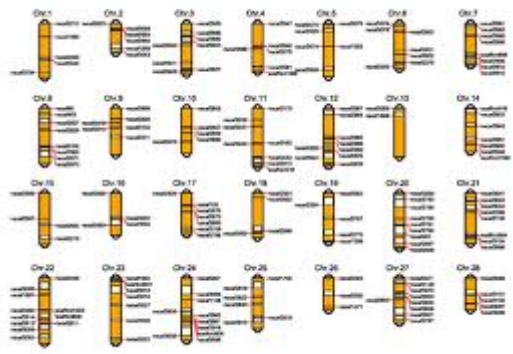
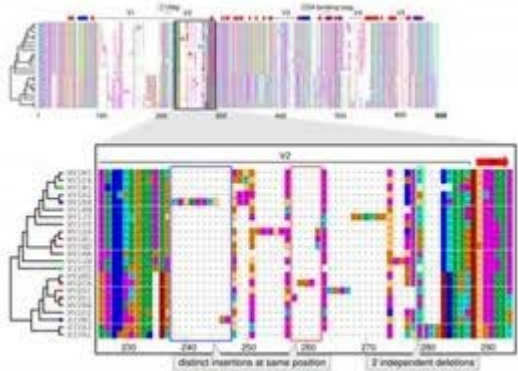
## DATABANKEN

Drie belangrijkste publieke databanken voor DNA (en eiwit) -sequenties:

- **NCBI** (GenBank @ the National Center for Biotechnology Information)  
→ [www.ncbi.nlm.nih.gov/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/)
- **DDBJ** (DNA database of Japan)  
→ [www.ddbj.nig.ac.jp/](http://www.ddbj.nig.ac.jp/)
- **EMBL** (European Molecular Biology Laboratory)  
→ <http://www.ebi.ac.uk/>

Coördinatie door het INSDC (Int. Nt. Seq. Db. Coll.) <http://www.insdc.org/>

# BIO-INFORMATICA TOOLS



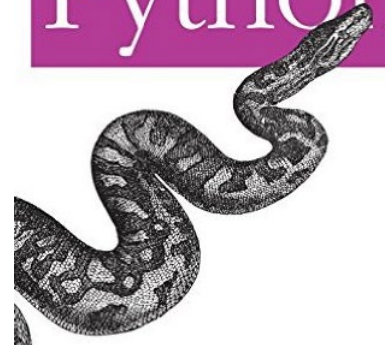
Belangrijke databanken in de bio-informatica

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<http://www.genome.ucsc.edu/>

<https://www.uniprot.org/>

<http://www.rcsb.org/>



# LEVEN OP AARDE



## meercelligen EUKARYOTEN



## ééncelligen PROKARYOTEN



## oerbacteriën ARCHAE

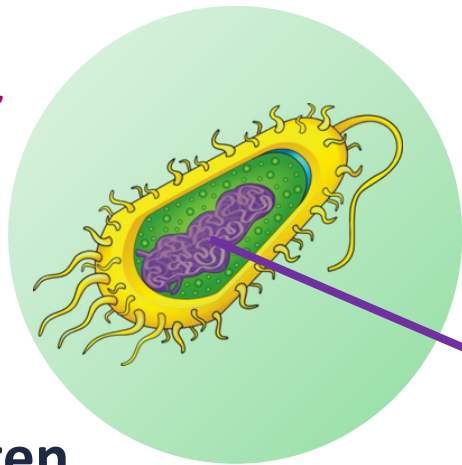




**LEVEN OP AARDE**

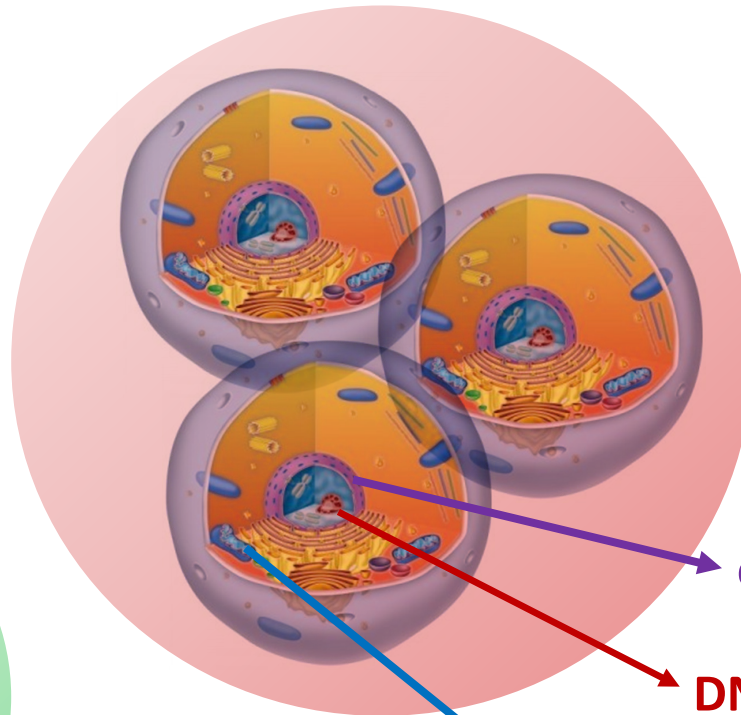
**meercelligen**  
→ **eukaryoten**

*zonder celkern  
zonder "fabriekjes"*



DNA

**ééncelligen**  
→ **prokaryoten**



celkern

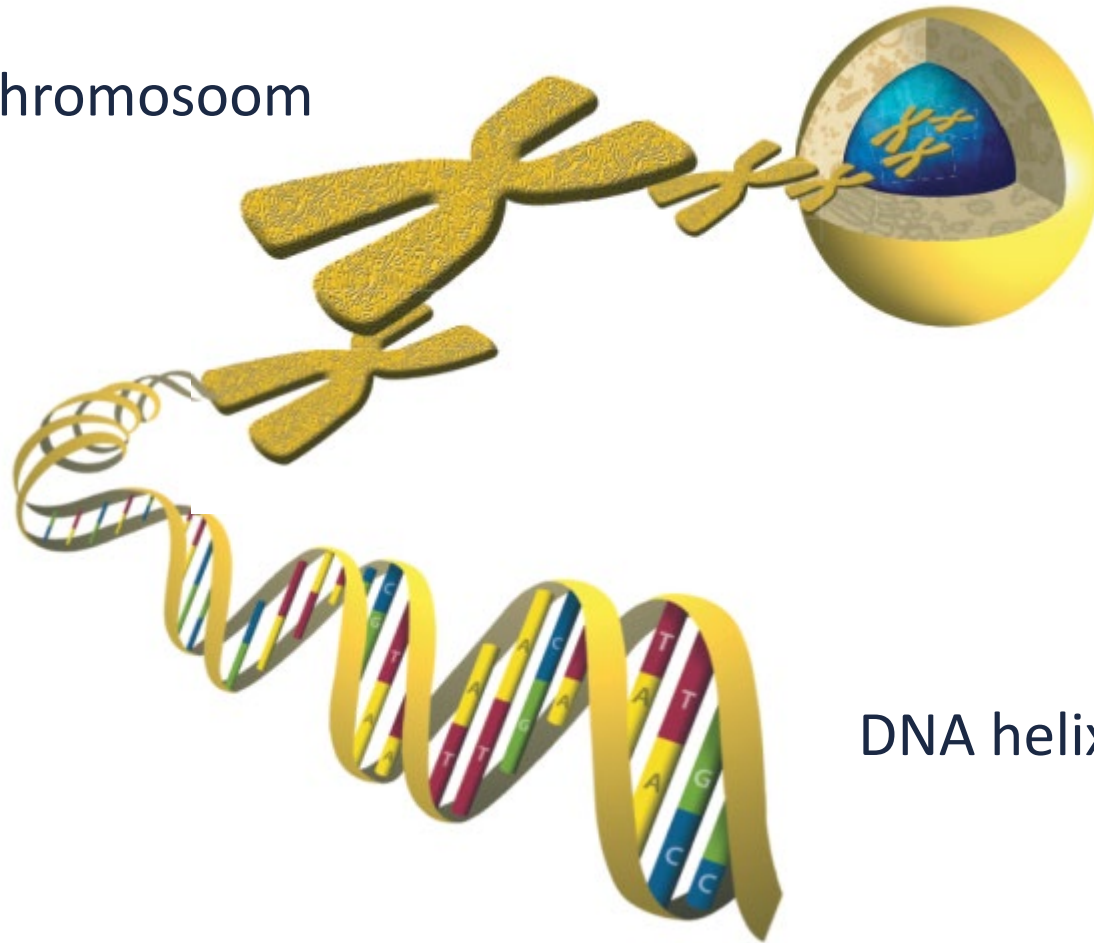
DNA

"fabriekjes"



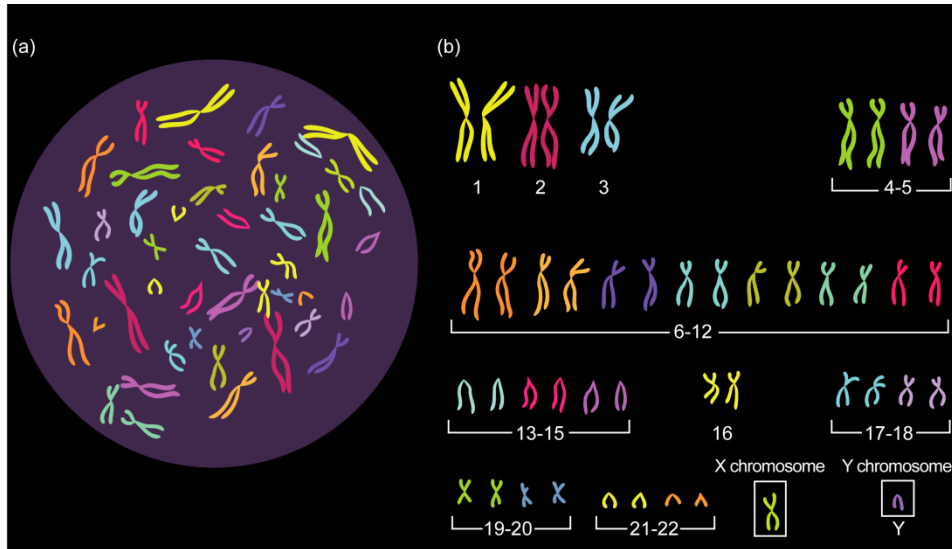
## DE CODE IN DE CEL

chromosoom



cel met  
celkern

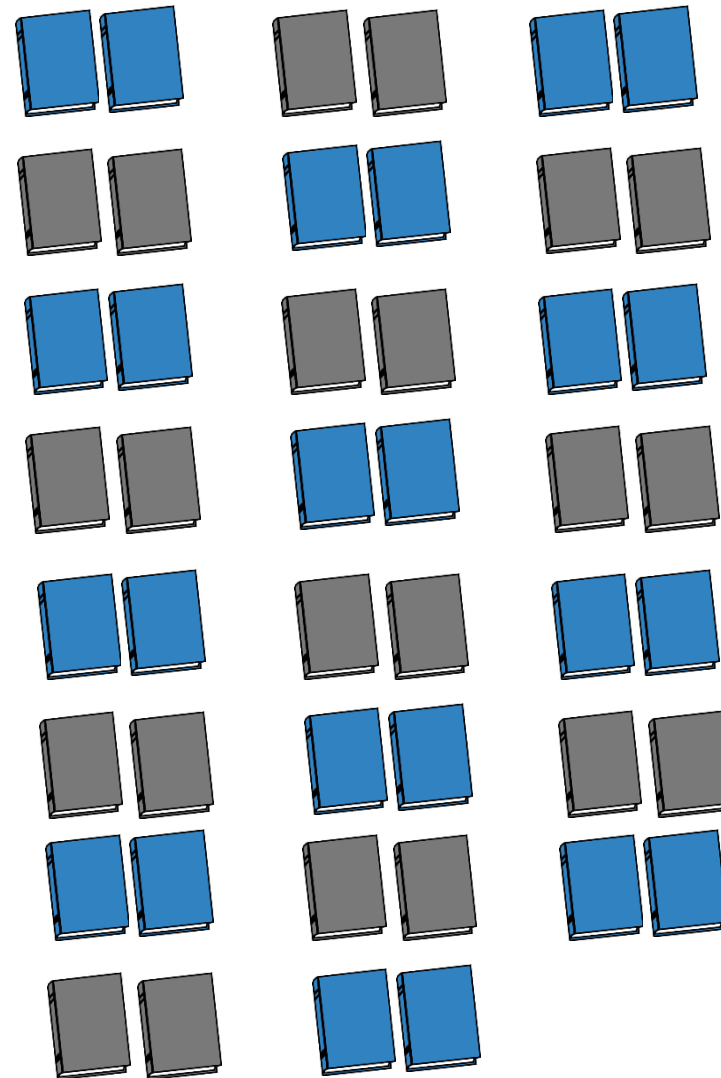
DNA helix

**DE CODE IN DE CEL**

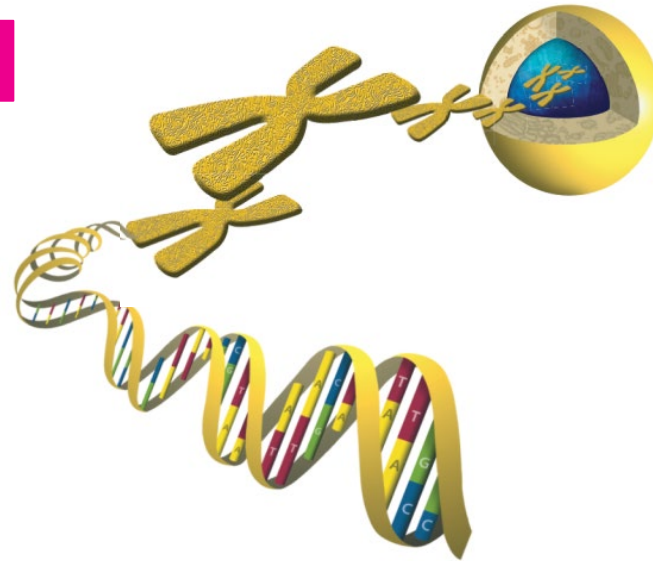
46 boeken met code

46 chromosomen

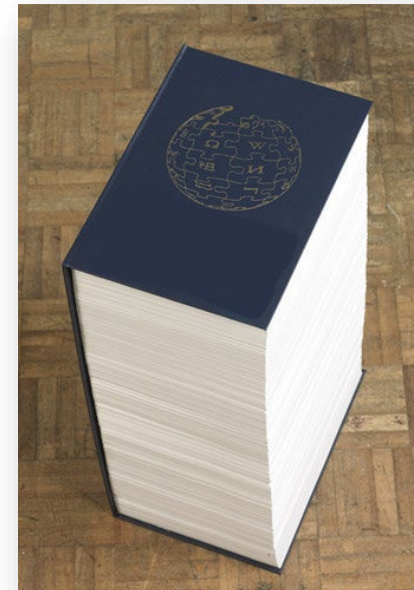
↳ **genoom**



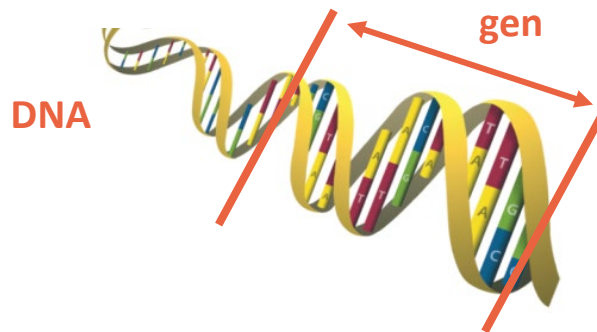
## DE CODE IN DE CEL



```
GATGGGATTGGGGTTTTCCCTCCCATGTGCTCAAGACTGGCGCTAAAAGTTTTGA
GCTTCTCAAAAGTCTAGAGCCACCGTCCAGGGAGCAGGTAGCTGGGCTCCGG
GGACACTTTGCGTTCGGGCTGGGAGCGTGCTTTCCACGACGGTGACACGCTTCCCT
GGATTGGCAGCCAGACTGCCTTCCGGTCACTGCCATGGAGGAGCCGACGTGAGA
TCCTAGCGTCGAGCCCCCTTGAGTCAGGAAACATTTTCAAGACCTATGGAAACTAC
TTCCTGAAAACAACGTTCTGTCCCCCTTGCCGTCCTCAAGCAATGGATGATTTGATGC
TGTCCTCCGGACGATATTGAACAATGGTTCACTGAAGACCCAGGTCCAGATGAAGC
TCCCAGAATGCCAGAGGCTGCTCCCCCGTGGCCCTGCACCAGCAGCTCCTACAC
CGGCGGCCCTGCACCAGCCCCCTCTGGCCCTGTCATTTCTGTCCCTTCCCAGA
AAACCTACCAAGGGCAGCTACGGTTTTCCGTCTGGGCTTCTTGATTTCTGGGACAGCC
AAGTCTGTGACTTGACGTACTCCCTGCCCTCAACAAGATGTTTTGCCAACTGGCC
AAGACTGCCCTGTGCAGCTGTGGGTTGATTCCACACCCCGCCCGGACCCCGCT
CCGCGCCATGGCCATCTACAAGCAGTCACAGCACATGACGGAGGTTGTGAGGCGC
TGCCCCACCATGAGCGCTGCTCAGATAGCGATGGTCTGGCCCTCCTCAGCATCT
TATCCGAGTGGAAAGGAAATTTGCGTGTGGAGTATTTGGATGACAGAAACACTTTT
CGACATAGTGGTGGTGCCTATGAGCCGCTGAGGTTGGCTGACTGTACCA
CCATCCACTACAACCTACATGTGAACAGTTCTGCATGGCGGATGAACCGGAG
GCCATCCTCACCATCATCACTGGAAGACTCCAGTGGTAATCTACTGGGACGGA
ACAGCTTGAGGTGCGTGTGTTGTCCTGTCTGGGAGAGACCGGCGACAGAGGA
AGAGAATCTCCGCAAGAAAGGGGAGCCTCACCACGAGCTGCCCCAGGGAGCAC
TAAGCGAGCACTGCCAACAACACCAAGCTCCTCTCCCAGCAAGAAGAAACCA
CTGGATGGAGAATATTTACCCTTCAAGTCCGTGGGGGTGAGCGCTTCAAGATGTT
CCGAGAGCTGAATGAGGCTTGGAACTCAAGGATGCCAG
```



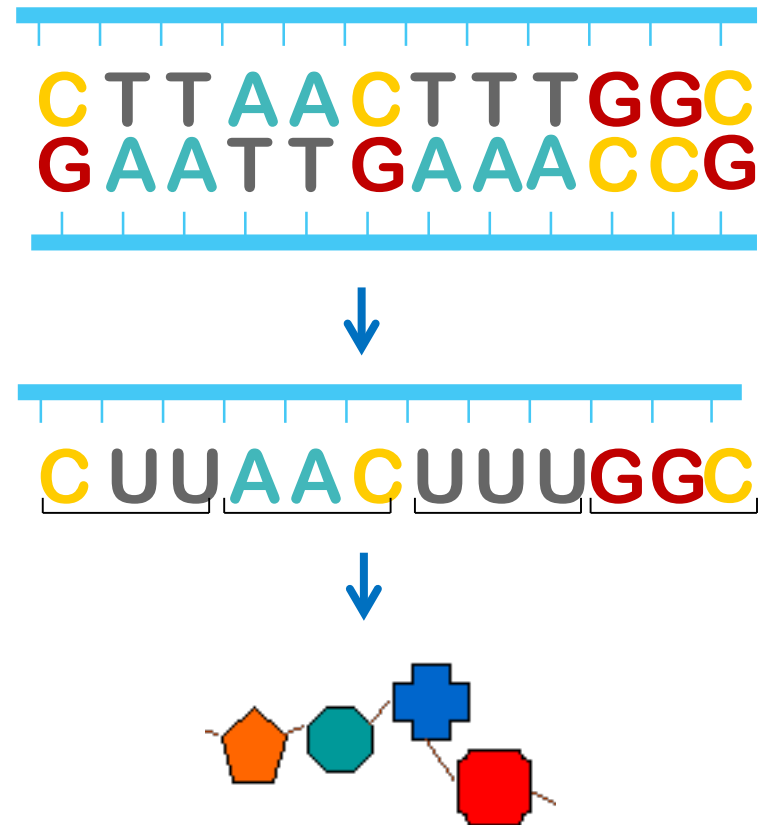
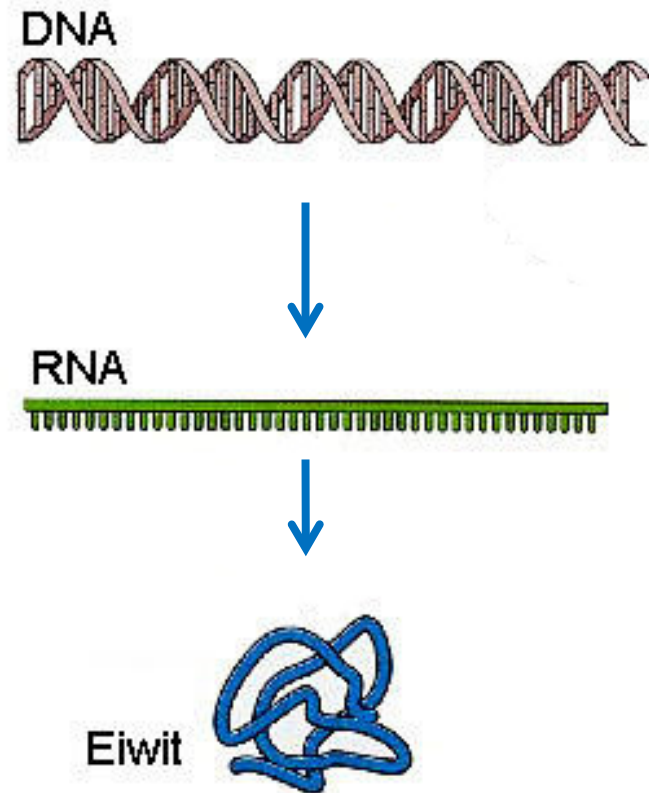
## DE CODE IN DE CEL



Gen 1 => eiwit 1

```
GATGGGATTGGGGTTTTCCCCTCCCATGTGCTCAAGACTGGCGCTAAAAGTTTTGAGCTTCTCAAAGTCTAGAGCCACCGTCCAGGGAGCAGGTAGCTGCTGGGCTCCGG
GGACACTTTGCGTTCGGGCTGGGAGCGTGCTTTCCACGACGGTGACACGCTTCCCTGGATTGGCAGCCAGACTGCCTTCCGGGTCACTGCCATGGAGGAGCCGCAGTCAGA
TCCTAGCGTCGAGCCCCCTCTGAGTCAGGAAACATTTTCAGACCTATGGAACTACTTCTGAAAACAACGTTCTGTCCCCCTTGCCGTCCCAAGCAATGGATGATTTGATGC
TGTCGCCGGACGATATTGAACAATGGTTCACTGAAGACCCAGGTCCAGATGAAGCTCCAGAATGCCAGAGGCTGCTCCCCCGTGGCCCCCTGCACCAGCAGCTCCTACAC
CGGCGGCCCTGCACCAGCCCCCTCTGGCCCCCTGTCATCTTCTGTCCCTTCCAGAAAACCTACCAGGGCAGCTACGGTTTCCGTCTGGGCTTCTTGCAATTCTGGGACAGCC
AAGTCTGTGACTTGACGTA CTCCCCTGCCCTCAACAAGATGTTTTGCCAACTGGCCAAGACCTGCCCTGTGCAGCTGTGGGTTGATTCCACACCCCCGCCCGCACCCGCG
TCCGCGCCATGGCCATCTACAAGCAGTCACAGCACATGACGGAGGTTGTGAGGCGCTGCCCCACCATGAGCGCTGCTCAGATAGCGATGGTCTGGCCCCCTCCTCAGCATC
TTATCCGAGTGGAAGGAAATTTGCGTGTGGAGTATTTGGATGACAGAAACATTTTCGACATAGTGTGGTGGTGCCTATGAGCCGCTGAGGTTGGCTCTGACTGTACCA
CCATCCACTACAAC TACATGTGTAA CAGTTCCTGCATGGGCGGCATGAACCGGAGGCCATCCTCACCATCATCACACTGGAAGACTCCAGTGGTAATCTACTGGGACGGAA
CAGCTTTGAGGTGCGTGTGGTGTGCTGTCTGGGAGAGACCGGCGCACAGAGGAAGAGAATCTCCGCAAGAAAGGGGAGCCTCACCACGAGCTGCCCCAGGGAGCACT
AAGCGAGCACTGCCAACAACACCAGCTCCTCTCCCCAGCCAAAGAAGAAACCACTGGATGGAGAATATTTACCCTTCAGATCCGTGGGCGTGAGCGCTTCGAGATGTTT
CGAGAGCTGAATGAGGCCTTGGAACTCAAGGATGCCAGGCTGGGAAGGAGCCAGGGGGGAGCAGGGCTCACTCCAGCCACCTGAAGTCCAAAAAGGGTCAGTCTACCT
CCCGCCATAAAAAACTCATGTTCAAGACAGAAGGGCCTGACTCAGACTGACATTCTCCACTTCTGTTCCCCACTGACAGCCTCCACCCCCATCTCTCCCTCCCC
```

Gen 2 => eiwit 2

**DE CODE IN DE CEL**



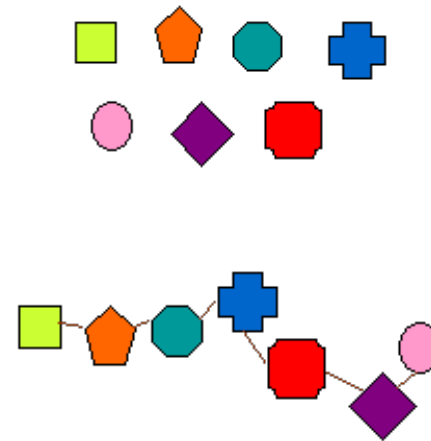
**DE CODE IN DE CEL**

4 bouwstenen

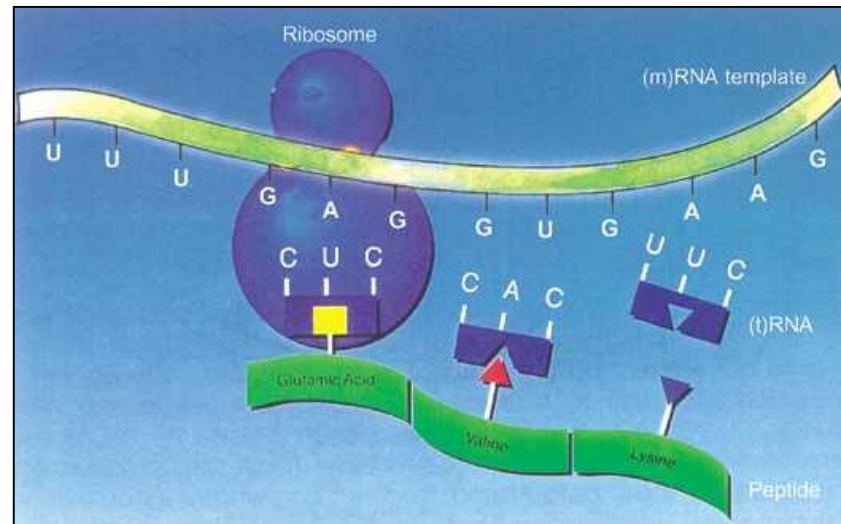
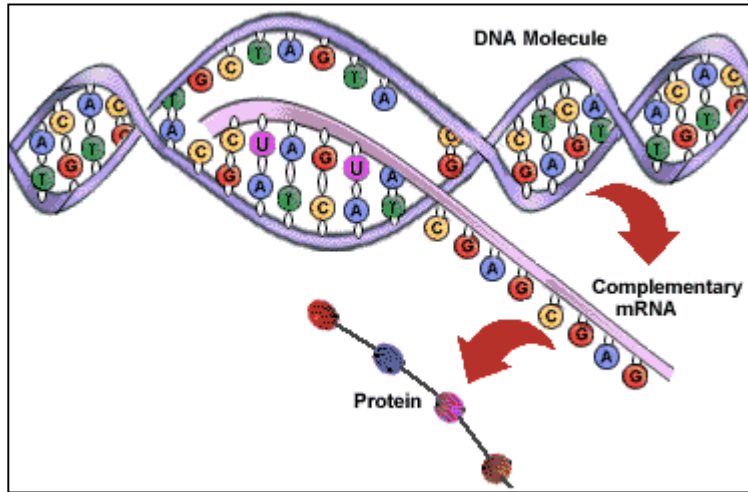
A  
G  
C  
T



20 bouwstenen



# DE CODE IN DE CEL



<p>Gly</p> <chem>NCC(=O)O</chem>	<p>Ala</p> <chem>CC(N)C(=O)O</chem>	<p>Val</p> <chem>CC(C)NCC(=O)O</chem>	<p>Leu</p> <chem>CC(C)C(N)CC(=O)O</chem>	<p>Ile</p> <chem>CC(C)C(N)C(C)C(=O)O</chem>
<p>Met</p> <chem>CSCC(N)C(=O)O</chem>	<p>Phe</p> <chem>C1=CC=CC=C1CNCC(=O)O</chem>	<p>Pro</p> <chem>C1CCNC1C(=O)O</chem>	<p>Asp</p> <chem>OC(=O)CC(N)C(=O)O</chem>	<p>Glu</p> <chem>OC(=O)CC(N)CC(=O)O</chem>
<p>Ser</p> <chem>OC(N)CC(N)C(=O)O</chem>	<p>Thr</p> <chem>CC(O)CNCC(=O)O</chem>	<p>Cys</p> <chem>SCCNCC(=O)O</chem>	<p>Tyr</p> <chem>OC1=CC=C(C=C1)CNCC(=O)O</chem>	<p>Asn</p> <chem>NC(=O)CC(N)C(=O)O</chem>
<p>Gln</p> <chem>NC(=O)CC(N)CC(=O)O</chem>	<p>Trp</p> <chem>C1=CC=C2C(=C1)C=CN2CNCC(=O)O</chem>	<p>Lys</p> <chem>CCCC(N)CC(=O)O</chem>	<p>Arg</p> <chem>NC(=O)CC(N)CC(=O)N</chem>	<p>His</p> <chem>C1=CN=C(N1)CNCC(=O)O</chem>

## DE CODE IN DE CEL

### ✓ Voorbeeld

AAC

Asn

GGC

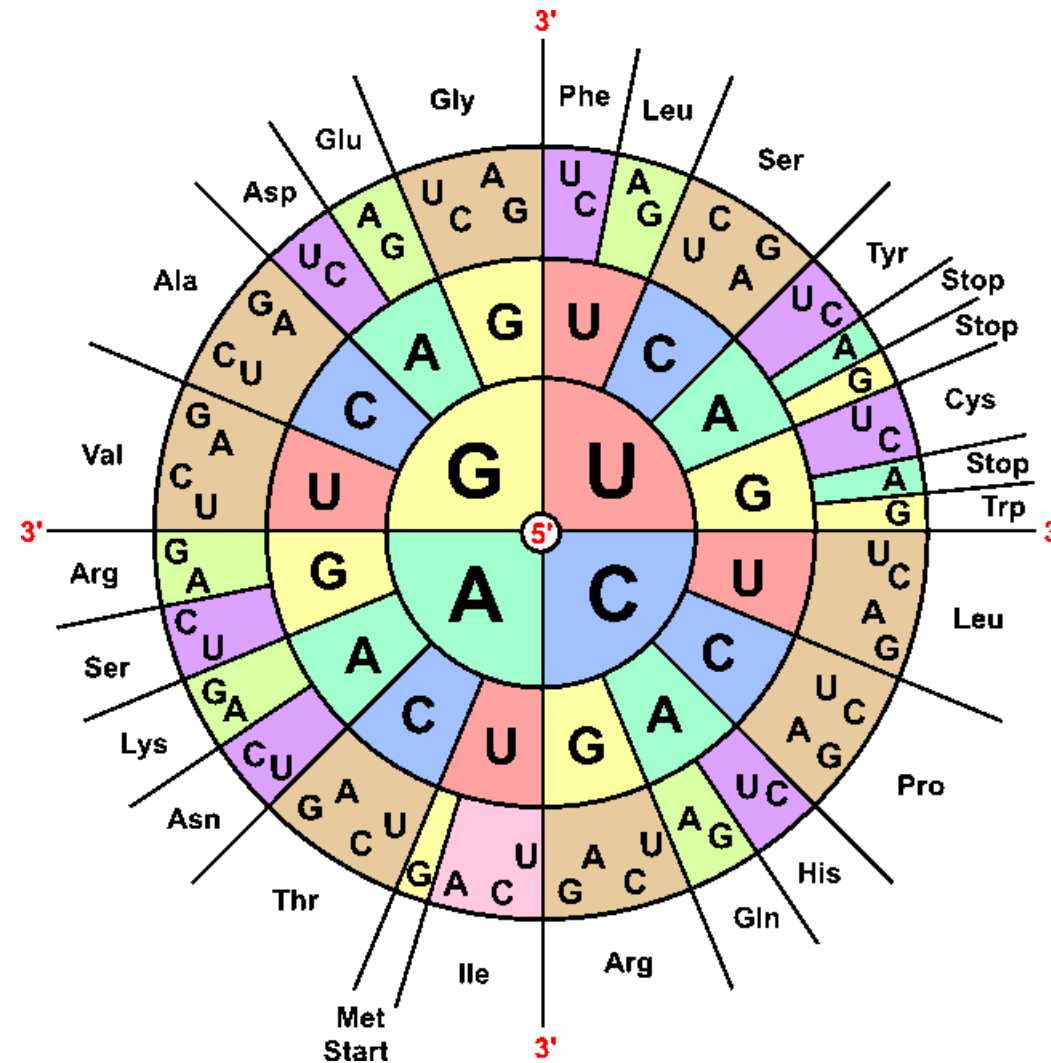
Gly

CUU

Leu

TTT

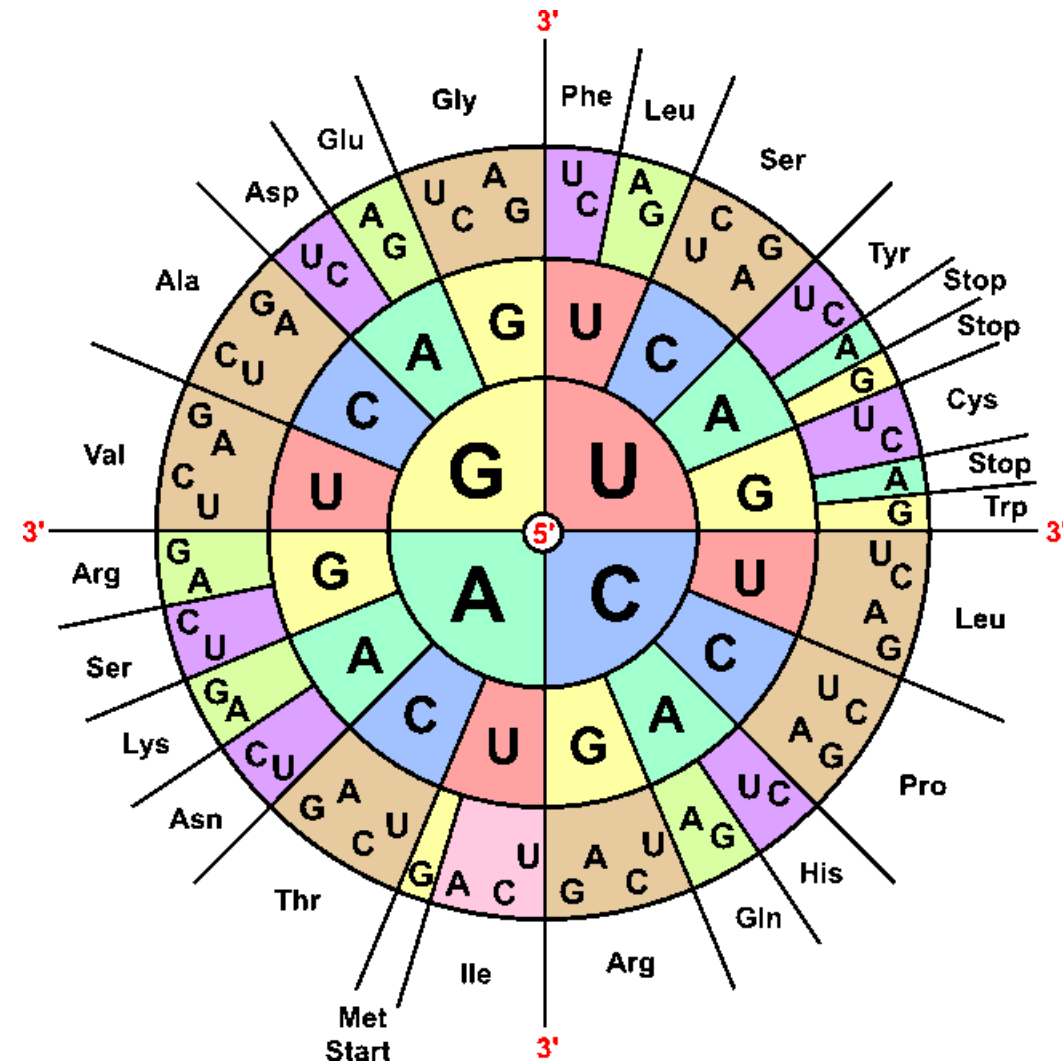
Phe



# DE CODE IN DE CEL

## ✓ Voorbeeld

ATG    GCC    ATA    AGT    GGA  
 GTC    CCT    GTG    CTA    GGA  
 TTT    TTC    ATC    ATA    GCT  
 GTG    CTG    ATG    AGC    GCT  
 CAG    GAA    TCA    TGG



Ala	A
Cys	C
Asp	D
Glu	E
Phe	F
Gly	G
His	H
Iso	I
Lys	K
Leu	L
Met	M
Asn	N
Pro	P
Gln	Q
Arg	R
Ser	S
Thr	T
Val	V
Trp	W
Tyr	Y

# DE CODE IN DE CEL



## Translate tool

**Translate** is a tool which allows the translation of a nucleotide (DNA/RNA) sequence to a protein sequence.

Please enter a DNA or RNA sequence in the box below (numbers and blanks are ignored).

```
ATG GCC ATA AGT GGA GTC CCT GTG CTA GGA TTT TTC ATC ATA GCT GTG CTG ATG
AGC GCT CAG GAA TCA TGG
```

Output format:

Genetic code:

or



expasy translate



Alle

Afbeeldingen

Boeken

Nieuws

Video's

Meer

Instellingen

Tools

Ongeveer 89.000 resultaten (0,40 seconden)

## ExpASY - Translate tool

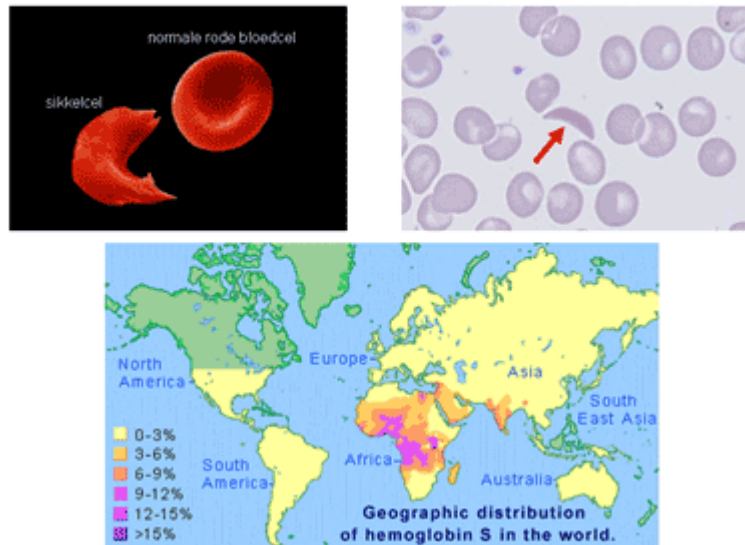
[web.expasy.org/translate/](http://web.expasy.org/translate/) [Vertaal deze pagina](#)

**Translate** is a tool which allows the translation of a nucleotide (DNA/RNA) sequence to a protein sequence. Please enter a DNA or RNA sequence in the box ...

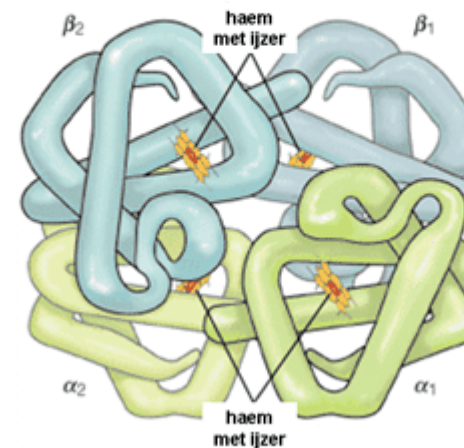


# SIKKELCELANEMIE

## Sikkcelanemie



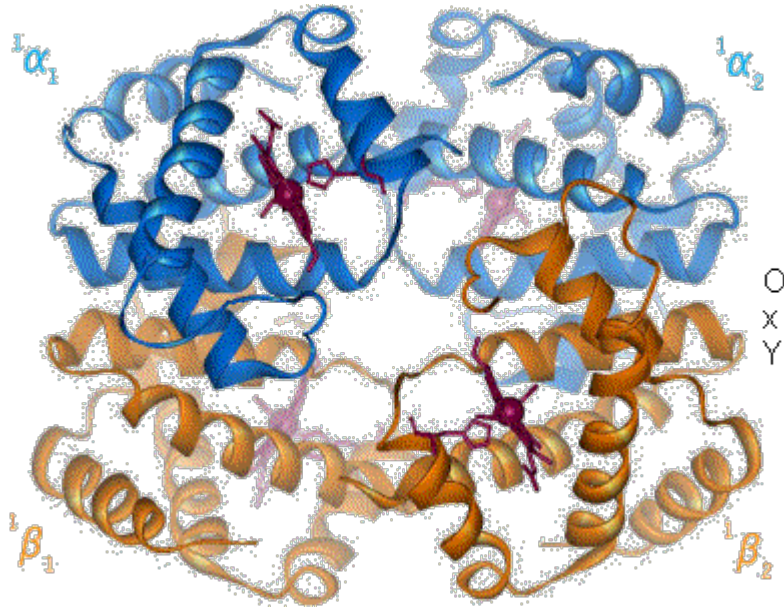
## Hemoglobine is opgebouwd uit 4 ketens (twee alfa, twee bèta)



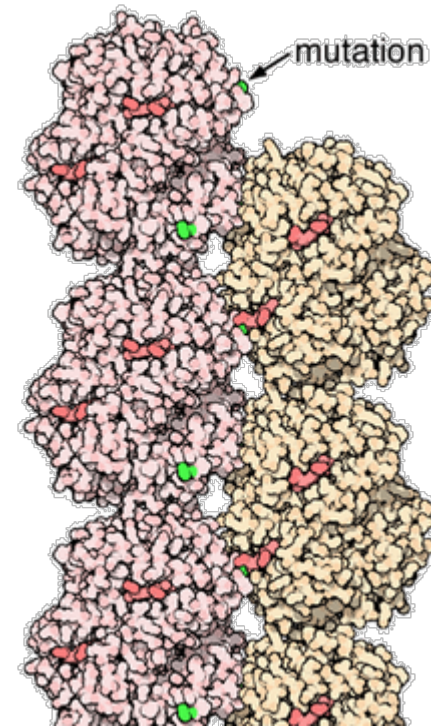
© 2007 Encyclopædia Britannica, Inc.

Sikkcelanemie kan veroorzaakt worden door een tekort aan bouwstenen of beenmergaandoeningen  
**Maar kunnen ook een genetische oorsprong hebben**

In deze workshop bekijken we een belangrijke mutatie in het **hemoglobinegen** dat sikkcelanemie veroorzaakt in vooral Afrikaanse en Aziatische landen en dit via de **bio-informatica**

**SIKKELCELANEMIE**

Normaal hemoglobine – HBB

Mutant hemoglobine – HbS  
(meest voorkomende mutatie wereldwijd)

## WORKSHOP DEEL 1: BLAST

- Een verstrooide laborant heeft de bloedanalysestalen van twee patiënten met een mogelijke diagnose voor sikkcelanemie en twee analysestalen van een andere collega door elkaar gegooid.  
Het zijn dus in totaal 4 stalen, waarvan men de eiwitsequentie heeft bepaald.
- Kan jij achterhalen welke twee stalen behoren tot het bloedonderzoek van de verstrooide laborant en welke twee andere niet?  
Heb je een idee wat voor onderzoek verricht wordt door de andere collega?
- De 4 eiwitsequenties vind je in het bestand **Sequenties.txt**

# WORKSHOP DEEL 1: BLAST

## Protein BLAST: **Sequences.txt**

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>



BLAST® Basic Local Alignment Search Tool

Home Recent Results Saved Strategies Help

NCBI BLAST Home

BLAST finds regions of similarity between biological sequences. [more...](#)

**New** Aligning Multiple Protein Sequences? Try the [COBALT Multiple Alignment Tool](#). [Go](#)

### BLAST Assembled RefSeq Genomes

Choose a species genome to search, or [list all genomic BLAST databases](#).

- [Human](#)
- [Mouse](#)
- [Rat](#)
- [Arabidopsis thaliana](#)
- [Oryza sativa](#)
- [Bos taurus](#)
- [Danio rerio](#)
- [Drosophila melanogaster](#)
- [Gallus gallus](#)
- [Pan troglodytes](#)
- [Microbes](#)
- [Apis mellifera](#)

### Basic BLAST

Choose a BLAST program to run.

<a href="#">nucleotide blast</a>	Search a <b>nucleotide</b> database using a <b>nucleotide</b> query <i>Algorithms: blastn, megablast, discontinuous megablast</i>
<a href="#">protein blast</a>	Search <b>protein</b> database using a <b>protein</b> query <i>Algorithms: blastp, psi-blast, phi-blast, delta-blast</i>
<a href="#">blastx</a>	Search <b>protein</b> database using a <b>translated nucleotide</b> query
<a href="#">tblastn</a>	Search <b>translated nucleotide</b> database using a <b>protein</b> query
<a href="#">tblastx</a>	Search <b>translated nucleotide</b> database using a <b>translated nucleotide</b> query

### Specialized BLAST

Choose a type of specialized search (or database name in parentheses.)

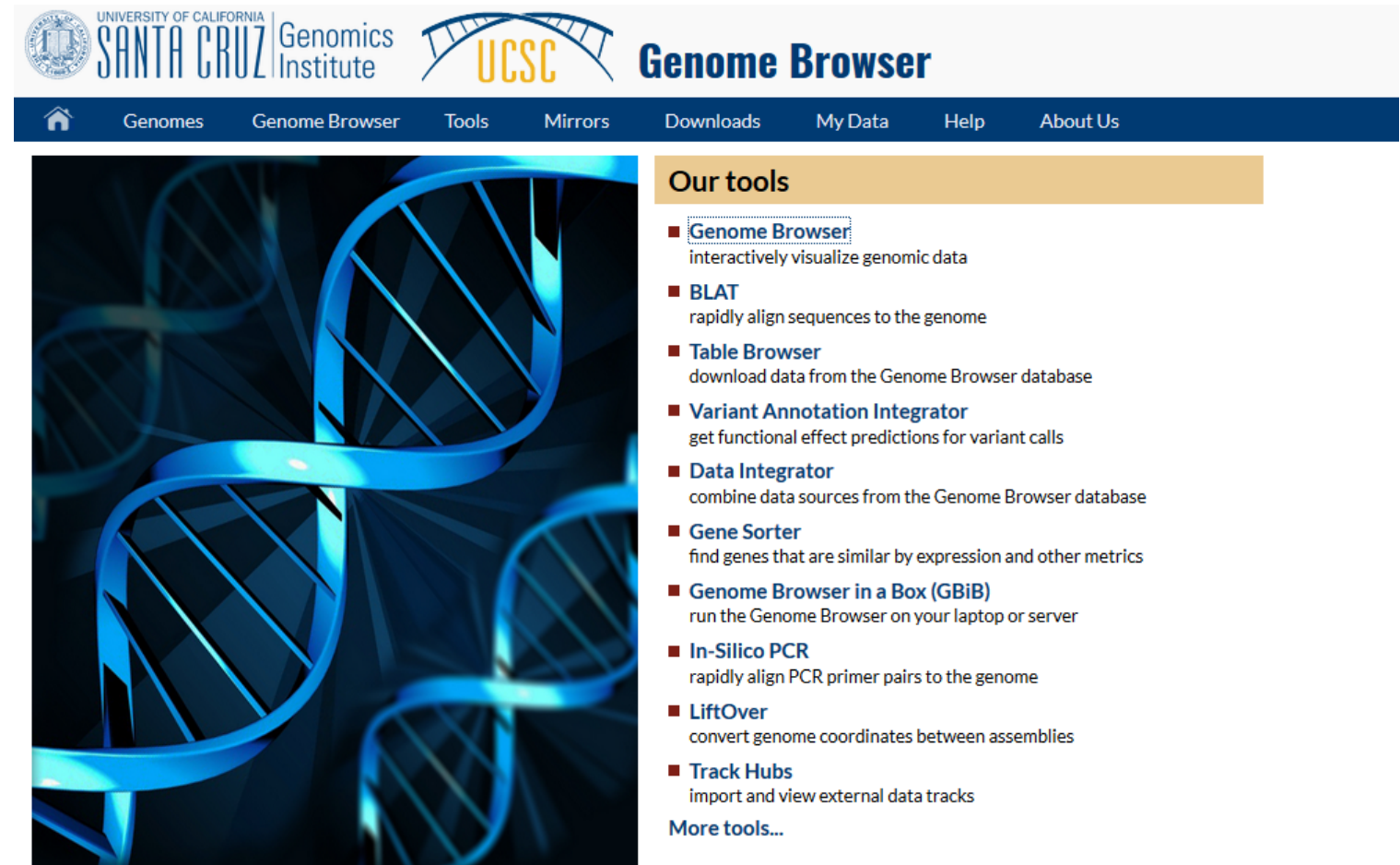
- Make specific primers with [Primer-BLAST](#)
- Search [trace archives](#)
- Find [conserved domains](#) in your sequence (cds)
- Find sequences with similar [conserved domain architecture](#) (cdart)
- Search sequences that have [gene expression profiles](#) (GEO)
- Search [immunoglobulins](#) (IgBLAST)
- Search using [SNP flanks](#)
- Screen sequence for [vector contamination](#) (vecscreen)

## WORKSHOP DEEL 2: GENOME BROWSING

Surfen over een genoom met de UCSC Genome Browser (University California Santa Cruz)

→ Waar ligt het **HBB** gen?

<https://genome.ucsc.edu/>



UNIVERSITY OF CALIFORNIA  
SANTA CRUZ Genomics Institute

UCSC

### Genome Browser

Home Genomes Genome Browser Tools Mirrors Downloads My Data Help About Us

#### Our tools

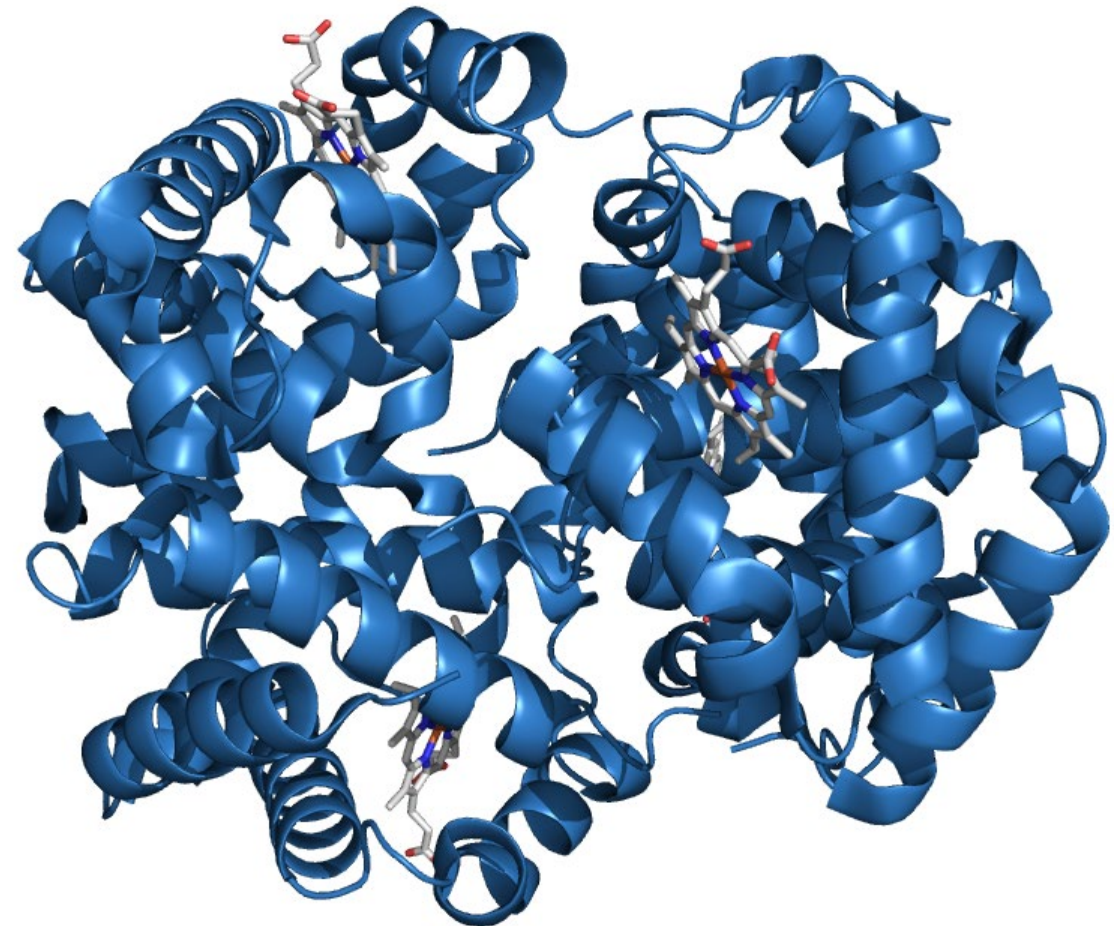
- **Genome Browser**  
interactively visualize genomic data
- **BLAT**  
rapidly align sequences to the genome
- **Table Browser**  
download data from the Genome Browser database
- **Variant Annotation Integrator**  
get functional effect predictions for variant calls
- **Data Integrator**  
combine data sources from the Genome Browser database
- **Gene Sorter**  
find genes that are similar by expression and other metrics
- **Genome Browser in a Box (GBiB)**  
run the Genome Browser on your laptop or server
- **In-Silico PCR**  
rapidly align PCR primer pairs to the genome
- **LiftOver**  
convert genome coordinates between assemblies
- **Track Hubs**  
import and view external data tracks

[More tools...](#)



## WORKSHOP DEEL 3: EIWITTEN IN 3D

- 3D analyse van HBB en de HbS mutant → welk structureel effect heeft deze mutatie?
- Installeer het programma PyMOL
- Start met een klein 'oefeneiwit'  
Wat zijn de kleuren van de atomen?
- Vergelijk de HBB en HbS eiwit structuren





BLT @ HOWEST

HOME CAMPUS RIJSELSTRAAT OPLEIDINGEN CONTACT

## Onze bachelors

Bedrijfsmanagement

Biomedische  
LaboratoriumtechnologieOpleidingsbrochure  
Biomedische  
LaboratoriumtechnologieDe opleiding Biomedische  
laboratoriumtechnologie

Contact

Inschrijven

Studentenvoorzieningen

Infomomenten en proefstuderen

Verder studeren

Biomedische  
Laboratoriumtechnologie op  
Facebook

Rijsselstraat (Brugge) » Opleidingen » Biomedische Laboratoriumtechnologie » De opleiding Biomedische laboratoriumtechnologie

## De opleiding Biomedische laboratoriumtechnologie

Delen via:        Meer...Biomedische laboratoriumtechnologie  
Howest

- Za 23 feb 10u-16u
- Za 27 apr 10u-16u
- Za 29 jun 10u-16u
- Vr 31 aug 10u-13u

[www.howest.be/BLT](http://www.howest.be/BLT)

innovatief creatief ondernemend

## BIO-INFORMATICA @ HOWEST

HOME HOWEST **ONDERWIJS** ONDERZOEK INTERNATIONALISERING CONTACT ENGLISH

Bachelors  
Masters  
Aansluit- en vervolgoeidingen  
Studiekeuze  
Academische kalender  
Afstandsonderwijs  
Bibliotheken  
Diversiteit  
EVC en EVK  
HBO5  
Infodagen  
SID-ins  
Starten in februari  
Inschrijven  
Laptopproject Howest  
Leerkrediet  
Onderwijs- en

Howest » Onderwijs » Lifelong Learning » Ba-na-ba Bio-informatica

## Bachelor-na-bachelor Bio-informatica

Delen via: [f](#) [t](#) [in](#) [★](#) [✉](#) [📞](#) | [+](#) Meer...

### Wat is een Bachelor-na-bachelor?

Na het volgen van bepaalde professionele bacheloropleidingen kun je je verder verdiepen en daarvoor een bachelor-na-bacheloropleiding volgen. Dat is een voortgezette, gespecialiseerde, éénjarige opleiding als vervolg op een bacheloropleiding.

### Ons aanbod

#### Bachelor-na-bachelor Bio-informatica



- Za 23 feb 10u-16u
- Za 27 apr 10u-16u
- Za 29 jun 10u-16u
- Vr 31 aug 10u-13u

[www.howest.be/bio-informatica](http://www.howest.be/bio-informatica)

*innovatief creatief ondernemend*