



## Opsummering og vigtige begreber

Baseret på kapitel 1 – Anvendt bioinformatik – Sekvensanalyse

Når du har læst kapitlet **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 parrede-ender-sekventering
- Forklare princippet i hierarkisk 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

Begreb	Egen forklaring
Stregkodegener	
Homologe nucleotid- eller proteinsekvenser	
Alignment	
Globalt alignment	
Lokalt alignment	
Transition	
Transversion	
Proteinalignment	



Substitutionsmatrice	
Shotgunsekventering	
Konsensusgen	
Parrede-ender-sekventering	
Copy-number-variation	
Metagenomanalyse	
eDNA-metabarcoding	
SNP	
qPCR	
Associationskortlægning	
Genetisk profil	