

# WM 15: Genomische und bioinformatische Verfahren in der Zoologie

## Fragestellung:

Welche Sequenzieretechniken und bioinformatischen Verfahren eignen sich besonders zur Beantwortung zoologischer Forschungsfragen und was ist bei ihrer Anwendung zu beachten?

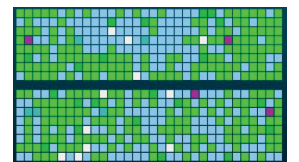
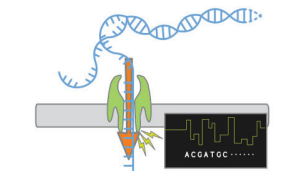
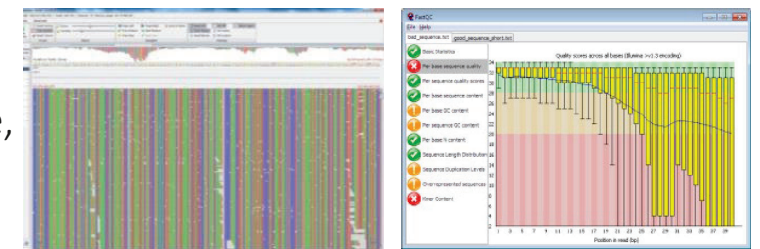
## VU4 (Ladurner, Rennstam Rubbmark, Thalinger):

- Sequenzierplattformen und ihre Verwendung in der Zoologie
- Genomische Sequenzierung mit Oxford Nanopore: Laborarbeitsschritte, bioinformatische Analysen, Aufbereitung der Ergebnisse
- DNA metabarcoding: vom Rohdatensatz zur fertigen Analyse
- Arbeiten im command-line environment
- Problemlösungsorientiertes Arbeiten & Übungsschwerpunkt

## SE1 (Ladurner, Rennstam Rubbmark, Thalinger):

- Erarbeiten von Lösungen zu bioinformatischen Problemstellungen und deren Präsentation durch Studierende

```
1 |/bin/bash
2 mkdir tmp;
3 mkdir blastResults;
4 mkdir fastqFiles;
5 mkdir RunStat;
6 mkdir FASTQresults;
7 for file in *.bam;
8 do
9 echo $file
10 samtools fastq -1 $file $file > tmp/${file}/bam/.r.fastq;
11 samtools fastq -2 $file $file > tmp/${file}/bam/.f.fastq;
12 samtools flagstat $file > tmp/${file}/bam/runstat.txt;
13 fastqc -f fastq -o FASTQresults/ tmp/${file}/bam/.r.fastq;
14 fastqc -f fastq -o FASTQresults/ tmp/${file}/bam/.f.fastq;
15 cutadapt -f RC-reverse -g "forward tmp/${file}/bam/.f.fastq" > tmp/${file}/bam/.ft.fastq 2> tmp/${file}/bam/.f.trim.txt;
16 cutadapt -f RC-forward -g "reverse tmp/${file}/bam/.r.fastq" > tmp/${file}/bam/.rt.fastq 2> tmp/${file}/bam/.r.trim.txt;
17 usearch -fastq_mergpairs tmp/${file}/bam/.ft.fastq -reverse tmp/${file}/bam/.rt.fastq -fastq_pctid 70 -fastaout Fastfiles/${file}/bam/paired.fasta;
18 usearch -fastx_uniques Fastfiles/${file}/bam/paired.fasta -fastaout tmp/${file}/bam/unique.fasta -sizeout -minuniquesize 2;
19 usearch -sortbylength tmp/${file}/bam/unique.fasta -fastaout tmp/${file}/bam/sorted.fasta -minreqlength 100;
20 usearch -cluster_smallmem tmp/${file}/bam/sorted.fasta -id 0.99 -sizein -sizeout -centroids Fastfiles/${file}/bam/centroids.fasta;
21 blastn -db nt -query Fastfiles/${file}/bam/centroids.fasta -max_target_seqs 10 -word_size 28 -outfmt 6 -out BlastResults/${file}/bam/blast.result.txt;
22 done
23 ./summary.sh
```



Fragen zum Modul an [oskar.rubbmark@uibk.ac.at](mailto:oskar.rubbmark@uibk.ac.at)

