



KoBIS

Gäste und Themen:

"Sequenzierfehlererkennung in NGS-Daten mittels Wavelet-Basis und Random Forest Klassifikator"

Theresa Graf

Insbesondere die Erkennung von Punktmutationen mit geringer Abundanz in NGS-Daten stellt eine Herausforderung dar, weil Punktmutationen schwer von Sequenzierfehlern unterscheidbar sind. Diese Sequenzfehler sollten erkannt und aus der Datenmenge entfernt werden, um sicherere Analysen zu ermöglichen. MultiRes ist ein Algorithmus der k-mere unterschiedlicher Größe verwendet. Er basiert auf einer Wavelet-Basis und nutzt das Klassifikationsverfahren Random Forest, um fehlerhafte k-mere von Punktmutationen zu unterscheiden. Im Rahmen dieses Vortrages wird dieses Verfahren vorgestellt.



07.05.2019 16:15

Raum C10.3.36

THM Gießen

Was ist KoBIS?

Das Kolloquium für Bioinformatik und Systembiologie Mittelhessen (KoBIS) ist eine gemeinsame Initiative der Technischen Hochschule Mittelhessen und der Justus-Liebig-Universität Gießen zum wissenschaftlichen Austausch zwischen Arbeitsgruppen und Hochschulen, die sich mit dem Thema Bioinformatik und Systembiologie beschäftigen.

Präsentiert werden Projekt- und Abschlussarbeiten sowie aktuelle Forschungsthemen von Mitarbeitern und externen Gästen.

Interessierte sind herzlich willkommen!