



NIEUWS

24 SEPTEMBER 2019

BIG DA

[ARTIKEL DELEN](#)

CWI KOMT MET NIEUWE METHODE GENOOM-RECONSTRUCTIE GEMUTEERDE VIRUSSEN

Een nieuwe rekenmethode van het Centrum Wiskunde & Informatica (CWI) maakt het mogelijk om genomen van gemut virussen te reconstrueren. Dit maakt het makkelijker om gemuteerde versies van een virus in kaart te brengen. Dit is volg het CWI cruciaal voor het opstarten van een succesvolle en efficiënte behandeling van een geïnfecteerde patiënt.



Deze website maakt gebruik van functionele en analytische cookies. Door gebruik te maken van deze site gaat u akkoord met het gebruik van cookies.

[MEER INFORMATIE](#)



Jasmijn Baaijens, promovenda bij de Life Sciences & Health groep van het Centrum Wiskunde & Informatica, heeft een nieuwe rekenmethode ontwikkeld om genomen van gemuteerde virussen te reconstrueren. Dat moet een succesvolle en efficiënte behandeling van een geïnfecteerde patiënt vereenvoudigen.

De rekenmethode [is ontwikkeld](#) door Jasmijn Baaijens, promovenda bij de Life Sciences & Health groep van het Centrum Wiskunde & Informatica (CWI). Zij vergelijkt het met het in elkaar zetten van een puzzel met miljoenen puzzelstukjes. Het genoom van virussen zoals HIV, Zika en Ebola muteert veelvuldig tijdens een infectie. Een patiënt kan daarom drager zijn van diverse stammen van een virus, ofwel 'haplotypen'. Al deze haplotypen in een infectie samen vormen een 'virale quasi-soort'. Virussen passen zich zo aan de omgeving aan, wat genezing bemoeilijkt.

GEEN VOORKENNIS NODIG

Baaijens beschrijft in haar proefschrift verschillende 'de novo' benaderingen voor het reconstrueren van haplotypen. Dit betekent dat de nieuwe methoden geen voorkennis vereisen over de samenstelling van het genoom van virussen.

Vooraf het feit dat een referentiegenoom geen vereiste is, maakt volgens het CWI de nieuwe methode innovatief. Afwijkingen veroorzaakt door het gebruik van een referentiegenoom, zijn namelijk een grote belemmering voor methoden gericht op haplotype reconstructie van virale quasi-soorten. De nieuwe algoritmen vormen samen de

eerste 'de novo' aanpak voor een volledige, veel nauwkeuriger reconstructie van virale quasi-soorten dan met bestaande methoden mogelijk is.

CWI Life Sciences & Health group

Later bekijken Delen

Uitleg over de nieuwe rekenmethode (vanaf 38 seconden).

DATA VOORHEEN STRUIKELBLOK

Baaijens en collega's hebben technieken gebaseerd op overlappende grafieken gebruikt die eerder niet bruikbaar waren bij 'next generation sequencing' analyses. De hoeveelheden benodigde data waren hierbij vroeger het grootste struikelblok. De overlappingsstechniek bleek uiteindelijk de enige manier te zijn om technische fouten in kaart te brengen van de specifieke sequentiemutaties van virale stammen. Zij maakt de nauwkeuriger rekenmethode mogelijk.

Proefschrift: [De novo approaches to haplotype-aware genome assembly](#)

KRACHTENBUNDELING

Recent [werd nog bekend](#) dat het CWI, Vrije Universiteit Amsterdam (VU), Amsterdam UMC, Amsterdam health technology institute en zorg- en welzijnskoepel SIGRA de krachten gebundeld hebben voor het onderzoeksproject 'DOLCE VITA'. Zij willen zo de kwaliteit van acute ouderenzorg voor 75-plussers te verbeteren. In het project wordt een model ontwikkeld dat helpt 'wat-als'-vragen over de gevolgen van lange-termijn beleidsbeslissingen (investeringen, beleidswijzigingen en innovaties) in het gezondheidszorgsysteem te beantwoorden. Het model

worden ingezet voor het ondersteunen van complexe besluitvormingsprocessen in het zorgsysteem.

Openingsmanifestatie van de e-healthweek 2020

Wilt u op 27 januari 2020 ook naar de ICT&health Openingsmanifestatie van de e-healthweek? Entreekaarten gratis maar op is écht op! Dus wacht niet en [meld u snel aan](#).



Zetacom

TAGS

BIG DATA

GENETICA

ONDERZOEK

DEEL DIT ARTIKEL

GERELATEERD



CBS: 1 PROCENT ZORGINSTELLINGEN ZET ROBOTICA IN

18 OKTOBER 2019

3D-PRINTING

