**Bachelor-after-bachelor bioinformatics**

Aanmaken pipeline voor single-cell RNA-seq analysis

### Niels Vanneste

**Jasper Decuyper, HOWEST University of Applied Sciences**

**Álvaro Cortés Calabuig, Genomics Core UZ Leuven**

## Abstract

*Door de constante vernieuwingen op het vlak van genomics, zijn er nieuwe technieken aan het licht gekomen. Single-cell RNA-seq is een recente techniek die heel wat meer inzichten kan bieden bij ziekten zoals kanker.*

*Single-cell genexpressiestudies beloven zeldzame celtypen en cryptische toestanden aan te tonen, maar de hoge variabiliteit van single-cell RNA-seq metingen hindert pogingen om transcriptionele verschillen tussen cellen te testen.*

*De bedoeling is om een pipeline te schrijven waarin de andere inzichten van single-cell RNA-seq geïnterpreteerd worden en gerapporteerd met de relevante soorten tools. Deze pipeline wordt geschreven om op de High Performance Computer (HPC) van het Vlaamse Supercomputer Centrum (VSC) gebruikt te worden.*



Afbeelding 1: Verschillende mogelijkheden in verwerking