



LUNDS
UNIVERSITET

Naturvetenskapliga fakulteten

BINP14, Storskalig sekvensanalys av hela genom, 7,5 högskolepoäng

Large Scale Analysis of Entire Genomes, 7.5 credits
Avancerad nivå / Second Cycle

Fastställande

Kursplanen är fastställd av Naturvetenskapliga fakultetens utbildningsnämnd 2007-04-12 att gälla från och med 2007-07-01, höstterminen 2007.

Allmänna uppgifter

Kursen är en obligatorisk kurs på avancerad nivå för en masterexamen i bioinformatik.

Undervisningsspråk: Engelska

Huvudområde

Bioinformatik

Fördjupning

A1F, Avancerad nivå, har kurs/er på avancerad nivå som förkunskapskrav

Kursens mål

Kursens mål är att studenter efter avslutad kurs skall ha förvärvat:

- kunskaper i avancerad sekvensanalys av hela genom
- färdighet att i Linux/Unix-baserat operativsystem självständigt utföra storskalig sekvensanalys med hjälp av egna Perlskript och förmåga att värdera resultaten
- förmåga att visualisera och dokumentera sina resultat i en enkel databas och kritiskt kunna förmedla resultaten av en självständigt löst uppgift muntlig och i skriftlig form.

Kursen syftar till att låta studenterna fördjupa sina kunskaper i storskalig bioinformatisk sekvensanalys av hela genom. Kursen bygger vidare på förvärvade kunskaper och färdigheter i sekvensanalys, statistik och programmering.

Kursens innehåll

Kursen fokuserar på att använda bioinformatiska metoder och tekniker för att analysera sekvenser i stor skala. Organismbiologi, sekvensanalys och programmering i perl knyts samman i kursen. Områden som kommer att tas upp är bland annat:

genomfylogeni och superträd, transkriptionella och metaboliska nätverk, genomanalys av RNA, proteinkodande gener, genfamiljer samt komparativ funktionsanalys. Sökningar i relationsdatabaser för att bearbeta genominformation kommer att användas som utgångspunkt för vissa uppgifter. Avancerad homologisökning samt analys av storskaliga dataset som kommer att efterlikna processen i ett genomsekvenseringsprojekt. I första hand kommer kompletta genom att analyseras där studenterna själva kan välja organism. En stor del av kurs tiden läggs på en individuell projektuppgift som löses med hjälp av egen programmering i Perl där studenten får möjlighet att fördjupa sig i en eller flera av ovannämnda områden. Projektuppgiften ska skapa en webbaserad resurs som kommer att finnas tillgänglig för forskare på Lunds Universitet.

Kursens genomförande

Undervisningen utgörs av föreläsningar, problemlösning, projektuppgift och datorövningar med inlämningsuppgifter.

Kursens examination

Examination sker skriftligt och datorbaserat i form av tentamen vid kursens slut. För studerande som ej godkänts vid ordinarie tentamen erbjuds ytterligare tentamenstillfälle i nära anslutning här till.

Provlmoment för denna kurs finns i en bilaga i slutet av dokumentet.

Betyg

Betygsskalan omfattar betygsgraderna Underkänd, Godkänd, Väl godkänd.

För godkänt betyg på hela kursen krävs godkänd tentamen och godkända inlämningsuppgifter

Slutbetyget avgörs genom en sammanvägning av resultaten på tentamen och inlämningsuppgifterna.

Förkunskapskrav

För tillträde till kursen krävs Engelska B samt behörighet för masterprogrammet i bioinformatik, samt kunskaper motsvarande kurserna BINP11 och BINP13.

Övrigt

Kursen kan tillgodoräknas i examen tillsammans med BNF071.

070404CE

Prov/moment för kursen BINP14, Storskalig sekvensanalys av hela genom

Gäller från H07

0701 Storskalig sekvensanalys av hela genom, 7,5 hp
Betygsskala: Underkänd, Godkänd, Väl godkänd