



LUNDS
UNIVERSITET

Naturvetenskapliga fakulteten

BINP17, Bioinformatik: Bioinformatik och sekvensanalys, 7,5 högskolepoäng

Bioinformatics: Bioinformatics and Sequence Analysis, 7.5 credits

Avancerad nivå / Second Cycle

Fastställande

Kursplanen är fastställd av Naturvetenskapliga fakultetens utbildningsnämnd 2023-06-08 att gälla från och med 2023-06-08, höstterminen 2024.

Allmänna uppgifter

Kursen är en obligatorisk kurs på avancerad nivå för en naturvetenskaplig masterexamen i Bioinformatik eller Tillämpad beräkningsvetenskap med fördjupning i biologi samt en valbar kurs för en naturvetenskaplig masterexamen i Biologi eller Molekylärbiologi.

Undervisningsspråk: Engelska

Huvudområde

Biologi

Bioinformatik

Molekylärbiologi

Tillämpad beräkningsvetenskap med
fördjupning i biologi

Fördjupning

A1N, Avancerad nivå, har endast kurs/er
på grundnivå som förkunskapskrav

A1N, Avancerad nivå, har endast kurs/er
på grundnivå som förkunskapskrav

A1N, Avancerad nivå, har endast kurs/er
på grundnivå som förkunskapskrav

A1N, Avancerad nivå, har endast kurs/er
på grundnivå som förkunskapskrav

Kursens mål

Kursens övergripande mål är att studenten ska förvärva kunskaper om och kunna arbeta med centrala koncept och verktyg för jämförande sekvensanalys, inkluderande olika typer av primära och sekundära sekvensdatabaser.

Kunskap och förståelse

Efter avslutad kurs ska studenten kunna:

- beskriva omfattningen av och potentialen i den biologiska sekvensinformation från molekylärbiologiska och genomiska studier som finns tillgänglig i publika databaser
- förklara grundläggande koncept och algoritmer som används i sekvensbaserade projekt
- redogöra för vanliga bioinformatiska metoder och resurser, inklusive sekvensdatabaser, parvis och multipel sekvensanpassning, sekvensdatabassökningar, aminosyra-substitutionsmatriser, sekundärstruktur, prediktion av RNA och polypeptider och modeller för proteinklassificering
- redogöra för moderna sekvenseringsteknologier och deras användningsområden
- förklara skillnader och likheter mellan olika organismers genom och anpassa bioinformatiska analyser därefter

Färdighet och förmåga

Efter avslutad kurs ska studenten kunna:

- lösa biologiska problem med bioinformatiska verktyg
- arbeta reproducerbart och använda versionskontroll
- använda olika biodatabaser, program och andra bioinformatiska verktyg för att omsätta data till kunskap relevant för molekylära studier av DNA, RNA och proteiner och de cellulära processer dessa ingår i
- undersöka olika genom för att identifiera homologer och rekonstruera fylogenetiska träd
- muntligt och skriftligt presentera resultat från bioinformatiskt arbete

Värderingsförmåga och förhållningssätt

Efter avslutad kurs ska studenten kunna:

- kritiskt utvärdera resultat från bioinformatiska analyser
- värdera sina bioinformatiska kunskaper och ta ansvar för att tillägna sig de färdigheter som krävs för att lösa enklare bioinformatiska problem

Kursens innehåll

Kursen behandlar:

- sekvensdatabaser och sekvenssökningar
- parvis och multipel sekvensanpassning
- strukturbioinformatik
- algoritmer bakom bioinformatiska metoder, till exempel dynamisk programmering, neurala nätverk och gömda Markov-modeller
- fylogenetisk rekonstruktion
- genomik hos prokaryoter och eukaryoter
- reproducerbarhet

Kursens genomförande

Undervisningen utgörs av föreläsningar, datorövningar, seminarier, gruppövningar och projektarbeten. I vissa av dessa moment ingår inlämningsuppgifter.

Deltagande i datorövningar, seminarier, gruppövningar och projektarbeten samt tillhörande moment är obligatoriskt.

Kursens examination

Examination sker skriftligt genom tentamen vid kursens slut, skriftliga inlämningsuppgifter under kursens gång samt genom obligatoriska moment.

För studerande som ej godkänts vid ordinarie tentamen erbjuds ytterligare tentamenstillfälle i nära anslutning härtill.

Om så krävs för att en student med varaktig funktionsnedsättning ska ges ett likvärdigt examinationsalternativ jämfört med en student utan funktionsnedsättning, så kan examinator efter samråd med universitetets avdelning för pedagogiskt stöd fatta beslut om alternativ examinationsform för berörd student.

Prov/moment 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 skriftlig tentamen, godkända inlämningsuppgifter samt godkända obligatoriska moment.

Betygsskalan för skriftlig tentamen är Underkänd, Godkänd, Väl godkänd, medan övningar och inlämningsuppgifter betygsätts enligt betygsskala Underkänd, Godkänd.

Slutbetyget avgörs genom resultatet på skriftlig tentamen.

Förkunskapskrav

För tillträde till kursen krävs behörighet för masterprogrammet i bioinformatik eller avlagd naturvetenskaplig kandidatexamen inkluderande kunskaper motsvarande minst 60 hp i biologi och/eller molekylärbiologi. Engelska 6.

Övrigt

Kursen ersätter BINP11 Bioinformatik: Bioinformatik och sekvensanalys 7,5 hp och kan inte tillgodoräknas i examen tillsammans med denna.

Kursen ges vid Biologiska institutionen, Lunds universitet.

Prov/moment för kursen BINP17, Bioinformatik: Bioinformatik och sekvensanalys

Gäller från H24

- 2401 Övningar och inlämningsuppgifter, 3,5 hp
Betygsskala: Underkänd, Godkänd
- 2402 Skriftlig tentamen, 4,0 hp
Betygsskala: Underkänd, Godkänd, Väl godkänd