



**SAHLGRENSKA AKADEMIN**

## **SC00019, Genomik och bioinformatik, 3 högskolepoäng**

### **Genomics and Bioinformatics, 3 higher education credits**

#### *Forskarnivå/Third cycle*

---

#### **1. Fastställande**

Kursplanen är fastställd av rådet för utbildning för forskare 2014-09-160

Kursplanen gäller från och med vårterminen 20150

Ansvarig institution: Core facilities

#### **2. Inplacering**

Kursen ingår som en valbar kurs i utbildningen på forskarnivå vid Sahlgrenska akademien.

#### **3. Förkunskapskrav**

Antagen till utbildning på forskarnivå

För att ansöka till kursen måste du ha:

- En bakgrund inom genetik, cellbiologi, biomedicin, biokemi, bioinformatik eller liknande

#### **4. Innehåll**

Kursen består av föreläsningar och datorövningar som behandlar analys av genetisk data. Följande ämnen behandlas:

- Användning av molekylärbioinformatiska databaser tillgängliga från NCBI och UCSC
- Arbete på webbaserade plattformar för dataintensiv biomedicinsk forskning, såsom Galaxy
- Sekvensanalysmetoder i teori och praktik för att förstå funktion, struktur och utveckling av DNA, RNA, och peptidsekvenser. Inkluderat är: sekvensjämförelser, profiler, genprediktion och fylogeni.
- Introduktion till Unix, R och MATLAB för analys och visualisering av biologisk data
- Analys av NGS-data: Exome-seq, RNA-seq, ChIP-seq, Methyl-seq och Metagenomik

#### **5. Mål**

Efter avslutad kurs förväntas studenten kunna:

##### *Kunskap och förståelse*

- Förstå användbarheten av datorkunskaper vid analys av genomisk data.
- Vara insatt i de varierande databaser och bioinformatikmjukvaror som är tillgängliga samt deras funktioner
- Ge en översikt av de olika bioinformatiska verktyg som används i sekvensanalys
- Beskriva de olika flödena i analysen av NGS-data

### *Färdighet och förmåga*

- Söka information i olika molekyl databaser.
- Kunna utnyttja relevant teoretisk bakgrund inom sekvensanalys i studentens egna forskningsprojekt.
- Förstå de olika arbetsflödena och format som används vid analys av NGS-data.
- Använda programvara för att analysera genomisk data.

Använda kommandorad- samt internetbaserad mjukvara för att analysera genomisk data

### *Värderingsförmåga och förhållningssätt*

- Utvärdera och tolka signifikansen i sina egna och andras vetenskapliga resultat.
- Förstå syftet med de tekniker som introduceras i kursen och kunna välja lämpliga metoder att applicera på sin egen forskning.

## **6. Kurslitteratur**

Hand outs och vetenskapliga artiklar kommer att delas ut vid kurstillfällena, Pevsner Bionformatics and Functional Genomics

## **7. Former för bedömning**

Bedömning kommer att ske genom att fylla i datorövningar. Närvaro vid samtliga aktiviteter är obligatorisk för godkänt betyg.

Doktorand äger rätt till byte av examinator efter att ha underkänts två gånger på samma examination, om det är praktiskt möjligt. En sådan begäran ställs till institutionen och skall vara skriftlig.

## **8. Betyg**

Betygskalan omfattar betygsgraderna Underkänd (U), Godkänd (G).

## **9. Kursvärdering**

Studenterna kommer för kursens framtida utveckling ombedjas att fylla i en enkät om deras åsikter kring kursens olika delar. Resultaten kommer sedan sammanställas i GUL.

## **10. Övrigt**

Kursen kommer att ges på engelska.