



BB2490 Analys av data från storskaliga molekylärbiolo- giska experiment 7,5 hp

Analysis of Data from High-throughput Molecular Biology Experiments

Fastställande

Kursplan för BB2490 gäller från och med VT16

Betygsskala

A, B, C, D, E, FX, F

Utbildningsnivå

Avancerad nivå

Huvudområden

Bioteknik

Särskild behörighet

**För programstudenter vid KTH krävs:

**Minst 150 högskolepoäng från årskurs 1, 2 och 3 varav minst 100 högskolepoäng från årskurs 1 och 2 samt kandidatexamensarbete måste vara avklarade. I de 150 poängen skall ingå avklarade kurser motsvarande minst 20 hp matematik, numeriska metoder, data, varav minst 5 hp utgörs av numeriska metoder och data, 20 hp kemi där även kurs i kemisk mätteknik kan ingå samt 20 hp bioteknik eller molekylärbiologi

För fristående studerande krävs:

Totalt 20 högskolepoäng (hp) inom biokemi, mikrobiologi och genetik/molekylärbiologi. 30 högskolepoäng (hp) kemi, samt totalt 20 högskolepoäng (hp) inom matematik och programmering, samt bioinformatik 3,5 högskolepoäng (hp) och statistik 3,5 högskolepoäng (hp) eller motsvarande, samt dokumenterade kunskaper i engelska motsvarande Engelska B

Undervisningsspråk

Undervisningsspråk anges i kurstillfällesinformationen i kurs- och programkatalogen.

Lärandemål

Detta är en fortsättningskurs i bioinformatik. Efter godkänd kurs ska studenten kunna:

- **beskriva** viktigaste storskaliga experimentella teknikerna som används för att undersöka DNA-, RNA- och proteininnehållet i en cell, vävnad eller organism.
- **förklara** teorin bakom aktuella verktyg/algoritmer för behandling av data från storskaliga molekylärbiologiska experiment.
- **välja** lämpliga metoder och verktyg för att analysera data från storskaliga molekylärbiologiska experiment.
- **Använda** verktyg för att analysera data från storskaliga molekylärbiologiska experiment
- **tolka** resultaten av dataanalyserna i ett biologiskt eller medicinskt relevant sammanhang
- **reflektera** över valet av metoder och verktyg och hur det påverkar resultatet av analyserna

Kursinnehåll

Kursen innehåller den grundläggande teorin för, samt användningen av, bioinformatisk analys av genomik- och proteomikdata från storskaliga experiment – särskilt data från DNA-sekvensning och proteinmasspektrometri: hur denna teori är implementerad i de aktuella verktygen för att hantera, analysera och visualisera data; hur dessa verktyg kan användas med verkliga storskaliga molekylärbiologiska data; och hur resultatet av analyserna kan tolkas i ett biologiskt eller medicinskt relevant sammanhang.

Kursen består av föreläsningar, studentledda presentationer, datorbaserade laborationer samt ett projekt.

Kursen riktar sig huvudsakligen till studenter på civilingenjörsprogrammet i bioteknologi och mastersprogrammen i Medicinsk bioteknologi och Molekylära tekniker inom livsvetenskaperna.

Kurslitteratur

Vetenskapliga artiklar och webblesurser som delas ut under kursen. Alla föreläsningsbilder.

Examination

- PRO1 - Projekt, 6,0 hp, betygsskala: A, B, C, D, E, FX, F
- LABA - Datorlaboration, 1,5 hp, betygsskala: P, F

Examinator beslutar, baserat på rekommendation från KTH:s handläggare av stöd till studenter med funktionsnedsättning, om eventuell anpassad examination för studenter med dokumenterad, varaktig funktionsnedsättning.

Examinator får medge annan examinationsform vid omexamination av enstaka studenter.

När kurs inte längre ges har student möjlighet att examineras under ytterligare två läsår.

Inga hjälpmedel är tillåtna utom de som specificeras i kurs-PM.

Övriga krav för slutbetyg

Slutbetyget på kursen bestäms av betyget på projektet (PRO1, betygsskala A-F). Godkänt betyg (P) på LABA krävs också. Det finns moment i kursen som har obligatorisk närvaro.

Etiskt förhållningssätt

- Vid grupparbete har alla i gruppen ansvar för gruppens arbete.
- Vid examination ska varje student ärligt redovisa hjälp som erhållits och källor som använts.
- Vid muntlig examination ska varje student kunna redogöra för hela uppgiften och hela lösningen.