



BB2491 Analys av data från storskaliga molekylärbiolo- giska experiment 7,0 hp

Analysis of Data from High-Throughput Molecular Biology Experiments

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

Fastställande

Kursplan för BB2491 gäller från och med HT17

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 livsvetenskapskurser (t ex biokemi, mikrobiologi, genetik/molekylärbiologi). 10 högskolepoäng (hp) inom matematik, samt bioinformatik 3,5 högskolepoäng (hp), samt dokumenterade kunskaper i engelska motsvarande Engelska B.

.

Undervisningsspråk

Undervisningsspråk anges i kurstillfällesinformationen i kurs- och programkatalogen.

Lärandemål

Efter godkänd kurs ska studenten kunna:

1. beskriva de viktigaste storskaliga experimentella teknikerna som används för att undersöka DNA-, RNA- och proteininnehållet i en cell, vävnad eller organism.
2. förklara teorin bakom aktuella verktyg/algoritmer för behandling av data från storskaliga molekylärbiologiska experiment.
3. välja lämpliga metoder och verktyg för att analysera data från storskaliga molekylärbiologiska experiment.
4. använda verktyg för att analysera data från storskaliga molekylärbiologiska experiment.
5. tolka resultaten av dataanalyserna i ett biologiskt eller medicinskt relevant sammanhang.
6. 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.

Kurslitteratur

Vetenskapliga artiklar och webbresurser som delas ut under kursen. Alla föreläsningbilder.

Examination

- LAB1 - Datorlaboration, 1,0 hp, betygsskala: P, F
- PRO2 - Projekt, 6,0 hp, betygsskala: A, B, C, D, E, FX, 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.

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

Övriga krav för slutbetyg

Slutbetyget på kursen bestäms av betyget på projektet (PRO2, betygsskala A-F) och dataövningar (LAB1, betygsskala P-F). 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.