



STATISTISK GENETIK
Statistical Genetics

FMS160

Antal högskolepoäng: 4,5. **Betygskala:** TH. **Nivå:** A (Avancerad nivå).

Undervisningsspråk: Kursen ges på begäran på engelska. **Överlappar följande**

kurs/kurser: MAS235, FMSN01 och MAS235. **Valfri för:** Pi4bm. **Kursansvarig:**

Studierektor Anna Lindgren, anna@maths.lth.se, Matematisk statistik. **Förutsatta**

förkunskaper: En grundkurs i matematisk statistik samt någon kurs i stokastiska

processer. **Prestationsbedömning:** Hemtentamen under kursens gång samt obligatorisk

närvaro på laborationerna och muntlig projektredovisning. Kursbetyget utgörs till 90% av

hemtentamen och 10% av projektet. **Övrigt:** Kursen ges även på naturvetenskaplig

fakultet med koden MAS235. Kursen får inte ingå i examen tillsammans med BNF073.

Hemsida: <http://www.maths.lth.se/matstat/kurser/fms160mas235/>.

Syfte

På ett såväl teoretiskt som praktiskt sätt lära studenterna de mest grundläggande statistiska metoderna inom genetisk epidemiologi.

Mål

Kunskap och förståelse

För godkänd kurs skall studenten

- vara förtrogen med grundläggande begrepp inom genetik och molekylärbiologi, och kunna relatera dessa till matematiska modeller, speciellt inom genetisk epidemiologi
- kunna förklara de grundläggande principerna bakom kopplings- och associationsanalys, relatera metoderna till varandra och förstå deras möjligheter och begränsningar
- ha utvecklat sin förmåga att bygga på och tillämpa metoder från tidigare kurser i matematisk statistik i ett genetiskt sammanhang

Färdighet och förmåga

För godkänd kurs skall studenten

- utifrån ett datamaterial och en problemställning inom genetik, kunna välja metod, utföra beräkningarna och värdera resultatet
- kunna använda ett befintligt datorprogram/programpaket för att analysera data inom genetisk epidemiologi
- kunna muntligt presentera resultatet av en undersökning i genetisk epidemiologi
- kunna redovisa tillvägagångssätt och slutsatser vid lösning av ett problem i genetisk

epidemiologi

- i skrift kunna använda statistiska termer inom ämnesområdet
- ha fått erfarenhet av att arbeta med problemlösning i en mindre grupp.

Innehåll

Kursen tar upp olika sätt för att med hjälp av statistiska metoder finna gener för ärftliga sjukdomar hos människan, dvs lokalisera deras kromosompositioner med avseende på det mänskliga genomet.

Initialt presenteras en introduktion till statistisk genetik innehållandes t.ex. grundläggande definitioner från genetikens värld. Efter detta så behandlas de olika teoretiska områdena parametrisk och icke-parametrisk kopplingsanalys samt associationsanalys.

Litteratur

Föreläsninganteckningar och utdelat material.