



Kursplan för läsåret 2008/2009  
(Genererad 2008-07-17.)

---

## BIOINFORMATIK

### Bioinformatics

KBK075

**Antal högskolepoäng:** 7,5. **Betygskala:** TH. **Nivå:** A (Avancerad nivå).

**Undervisningsspråk:** Kursen ges på begäran på engelska. **Alternativobligatorisk för:**

MBIO1. **Valfri för:** B4mb, B4pt. **Kursansvarig:** Projektforskare Peter Olsson,  
Peter.Olsson@tbiokem.lth.se, Tillämpad biokemi. **Förkunskapskrav:** KBK041.

**Prestationsbedömning:** Skriftlig och problemorienterad hemtentamen. Godkänd rapport från datorövningar. **Hemsida:** <http://www.tbiokem.lth.se>.

### Syfte

Kursens syfte är att ge teoretisk kunskap i bioinformatik och dess möjligheter. Syftet är också att ge praktiska färdigheter i att söka information i bioinformatiska databaser och i att använda bioinformatiska verktyg.

### Mål

#### *Kunskap och förståelse*

För godkänd kurs skall studenten

- beskriva och värdera informationen i de mest förekommande bioinformatiska databaserna.
- formulera databassökningar bl.a. med hjälp av fältnamn (qualifiers) och boolska argument.
- beskriva, formulera och värdera resultat av sekvensuppställning (sequence alignment).
- beskriva, förklara och skapa hypoteser om proteiners strukturer med hjälp av modeller och simuleringar.

#### *Färdighet och förmåga*

För godkänd kurs skall studenten

- välja och använda bioinformatiska databaser och dess sök verktyg.
- värdera utfallet av en sekvensjämförelse eller analys.
- använda program för strukturmodulering.
- värdera utfallet av en sekvensjämförelse eller sekvensanalys.
- utnyttja fackuttryck i både tal och skrift.

#### *Värderingsförmåga och förhållningssätt*

För godkänd kurs skall studenten

Ha nödvändiga kunskaper för att i yrkesrollen kunna finna basal bioinformatikinformation och kunna praktiskt använda basala bioinformatikverktyg.

### **Innehåll**

Kursen omfattar kunskaper om bioinformatiska databaser, dito sökning och verktyg som predikterar en nukleotid- eller aminosyrasekvens biokemiska eller molekylärbiologiska egenskaper, funktioner etc. Begrepp som FASTA format, BLAST, archival & curated database, accession number, cross reference, data base field, boolean qualifiers, In silico, alignment, algorithm, Hidden Markov Model, Neural Networks, cluster, phylogenetiska träd, phenetisk och cladistisk jämförelse, bootstrapping, gap penalties, substitutionsmatriser, homologimodellering, treadening modellering och Ab Initio modellering tas upp. En orientering om systembiologi och syntetisk biologi ges.

Exempel på övningar är: databassökning (både med sökord och sökning av sekvenser som liknar en känd sekvens) samt tolkning av sökresultatet, phylogenetisk utvärdering av sannolikheten för att en tandläkare smittat sina patienter med HIV, teoretisk utveckling av en analysmetod för att bestämma könet på en människa med hjälp av PCR, samt övning i proteinmodulering.

### **Litteratur**

Arthur M. Lesk Introduction to Bioinformatics. Oxford University Press

ISBN 0 19 9277877

Datorövningskompendium