



## CORE FACILITIES

### SC00038 Bioinformatik II, 2 högskolepoäng

Bioinformatics II, 2 credits

*Forskarnivå / Third-cycle level*

---

#### Fastställande

Kursplanen är fastställd av Rådet för utbildning på forskarnivå vid Sahlgrenska Akademin 2020-10-22 att gälla från och med vårterminen 2021.

#### *Ansvarig institution*

Core Facilities, Sahlgrenska akademien

#### Förkunskapskrav

Kursen är öppen för doktorander i behov av bioinformatisk kompetens och som är antagna vid ett svenskt eller internationellt lärosäte.

För att ansöka till kursen bör du ha:

- En bakgrund inom genetik, cellbiologi, biomedicin, biokemi, bioinformatik eller liknande.
- Du måste ha godkänt i Bioinformatik I

#### Lärandemål

Efter avslutad kurs förväntas studenten kunna:

#### *Kunskap och förståelse*

- Kunskap om vikten av att utvärdera och filtrera sekvensdata med avseende på kvalitet.
- Förstå hur DNA sekvens från exom kan användas för att t.ex. hitta mutationer som orsakar sjukdom.
- Lära sig hur RNA data kan användas för att förstå mer om vilka processer i cellen som är påverkade vid olika tillstånd.
- Förstå skillnad på den information man kan inhämta med ”total RNA” respektive ”single cell RNA”.

#### *Färdighet och förmåga*

- Utvärdera kvalitet på sekvensdata.
- Analysera DNA från exomsekvensering och identifiera genetiska varianter.
- Jämföra genuttryck utifrån RNA sekvenserings data, både avseende s.k. total RNA och single cell RNA data.

### *Värderingsförmåga och förhållningssätt*

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

## **Innehåll**

Kursen innehåller en kombination av föreläsningar och praktiska moment, bland annat:

- Användning av program för att analysera kvalitet på DNA och RNA sekvensdata.
- Mappa DNA och RNA sekvensdata mot ett referensgenom.
- Identifiera genetiska varianter i förhållande till en referens.
- Jämföra genuttryck för grupper med olika fenotyp med hjälp av RNA sekvensdata.
- Analysera skillnad i genuttryck, mellan olika celltyper med hjälp av single cell data.
- Klustering och genontologi för att analysera hur förändringar i RNA uttryck kan påverka biologiska processer i cellen

## **Undervisningsformer**

Kursen består av föreläsningar, datorövningar och hemuppgifter

### *Undervisningsspråk*

Kursen ges på engelska.

## **Betyg**

På kursen ges något av betygen Godkänd (G) och Underkänd (U).

För att få godkänt betyg, studenten krävs för att slutföra alla praktiska övningar och visa att lärandemålen har uppnåtts

## **Former för bedömning**

Bedömning kommer att ske av genomförda obligatoriska datorövningar. Övningarna är skapade för att testa förståelse för de olika momenten. Aktivt deltagande vid föreläsningar och labbar samt minst 80 % närvaro är också obligatoriskt för godkänt betyg

Student äger rätt till byte av examinator efter att ha underkänts två gånger på samma examination, om inte särskilda skäl talar mot det. (HF 6 kap 22 §). En sådan begäran ställs till institutionen och ska vara skriftlig.

## **Kursvärdering**

Kursutvärderingen kommer att göras genom en skriftlig enkät, som finns på CANVAS (virtuell

lärmiljö), där eleverna ombeds att beskriva sina åsikter om de olika stadierna av kursen för den framtida utvecklingen. Denna information kommer att sammanställas och delas med studenter som deltog i utvärderingarna. Förbättringar delas med studenter som deltar i nästa emission av kursen.

## Övrigt

Tillgång till dator och internet är nödvändigt då all kommunikation gällande kursen och all utdelning av dokument såsom föreläsningar, övningar och litteratur kommer att ske via universitetets lärplattform (CANVAS).