



DATA- OCH INFORMATIONSTEKNIK

DIT741 Beräkningsmetoder i bioinformatik, 7,5 högskolepoäng

Computational methods in bioinformatics, 7.5 credits

Avancerad nivå / Second Cycle

Fastställande

Kursplanen är fastställd av Institutionen för data- och informationsteknik 2014-10-24 och senast reviderad 2017-06-16. Den reviderade kursplanen gäller från och med 2017-08-20, höstterminen 2017.

Utbildningsområde: Naturvetenskapligt 100 %

Ansvarig institution: Data- och informationsteknik

Inplacering

Kursen ges inom ett antal program och ges även som fristående kurs vid Göteborgs universitet.

Kursen kan ingå i följande program: 1) Datavetenskapligt program (N1COS), 2) Computer Science, Master's Programme (N2COS) och 3) Applied Data Science masterprogram (N2ADS)

Huvudområde

Datavetenskap

Computer Science-Algorithms and Logic

Fördjupning

A1F, Avancerad nivå, har kurs/er på avancerad nivå som förkunskapskrav

A1F, Avancerad nivå, har kurs/er på avancerad nivå som förkunskapskrav

Förkunskapskrav

För tillträde till kursen krävs 90 godkända högskolepoäng inom ämnet Datavetenskap eller motsvarande. Det krävs också en programmeringskurs (DIT011 Objektorienterad programvaruutveckling, DIT142 Funktionell programmering, DIT950 Programmering, fortsättningskurs eller motsvarande) och en kurs i diskret matematik (MMGD10 Inledande diskret matematik eller motsvarande). Studenten måste ha kunskaper inom engelska: Engelska 6/Engelska B eller motsvarande från en internationellt erkänd test,

till exempel TOEFL, IELTS.

Lärandemål

Efter godkänd kurs ska studenten kunna:

Kunskap och förståelse

- beskriva bioinformatikproblem och beräkningsmetoder för att lösa dem

Färdighet och förmåga

- implementera beräkningsproblemlösningar inom bioinformatik

Värderingsförmåga och förhållningssätt

- sammanfatta problem och bioinformatikmetoder beskrivna inom forskningslitteraturen
- kritiskt diskutera olika bioinformatiskmetoder som behandlar samma uppgift
- identifiera situationer där bioinformatiskmetoder kan tillämpas inom olika områden.

Innehåll

Som datavetare måste man kunna identifiera och förstå problem med ursprung i områden som inte är att betrakta som direkt datortekniska eller datavetenskapliga. I denna kurs visas hur beräkningsmetoder som traditionellt presenteras i datavetenskapliga kurser även kan appliceras inom bioinformatiken. I kursen behandlas därför också sådana begrepp, inom biologin, som krävs för att förstå de uppkomna problemställningarna.

Vi behandlar problem som uppkommer i samband med analys av biologiska datasekvenser (sekventiell bioinformatik) och makromolekylära strukturer (strukturell bioinformatik). Att läsa vetenskapliga artiklar är värdefull utbildning för alla vetenskapsmän och forskare. Att utveckla sin förmåga i att läsa vetenskapliga artiklar är nyttig förberedelse för framtida vetenskapliga undersökningar, och det egna vetenskapliga skrivande kan samtidigt förbättras. I denna kurs används därför forskningsartiklar som viktigaste referensmaterial, framför allt för att visa hur man presenterar idéer och metoder, och hur man kritiskt värdera dem.

Sådana beräkningsmetoder och begrepp som presenteras i kursen är: dynamisk programmering, heuristiska algoritmer, grafpartitionering, image skeletonisation, utjämning och kantdetektering, klustring, undermatrismatchning, geometrisk hashning,

constraint logic programming, Monte Carlo-optimering, simulated annealing, självundvikande vandring.

Bland de problem som hämtats från biologin är: sekvensinpass, domäntilldelning, jämförelse av strukturer, jämförande modellering, proteinveckning, fold recognition, upptäcka kanaler, molekyldockning, proteindesign.

Former för undervisning

Föreläsningar och laborationer.

Undervisningsspråk: engelska

Former för bedömning

Kursen examineras genom individuella inlämningsuppgifter inom programmering, skriftliga inlämningsuppgifter och muntliga presentationer.

Om student som underkänts två gånger på samma examinerande moment önskar byte av examinator inför nästa examinationstillfälle, ska sådan begäran inlämnas skriftligt till kursansvarig institution och bifallas om det inte finns särskilda skäl däremot (HF 6 kap § 22).

I det fall en kurs har upphört eller genomgått större förändringar ska studenten i normalfallet garanteras tillgång till minst tre provtillfällen (inklusive ordinarie provtillfälle) under en tid av åtminstone ett år med utgångspunkt i kursens tidigare uppläggning.

Betyg

På kursen ges något av betygen Väl godkänd (VG), Godkänd (G) och Underkänd (U). Betyget G (Godkänt) innebär att studenten uppfyllt kursmålen genom att prestera tillfredsställande på inlämningsuppgifter och muntlig presentation. Betyget VG (Väl Godkänt) kräver att studenten därutöver visar på djupare förståelse, insikt, och reflektion.

Kursvärdering

Kursen utvärderas genom möten både under och efter kursen mellan lärare och studentrepresentanter. Därutöver används en anonym enkät för att få skriftlig

information. Resultatet av utvärderingen används för att förbättra kursen genom att visa på delar som kan läggas till, förbättras, ändras eller tas bort.

Resultatet och eventuella förändringar i kursens upplägg ska förmedlas både till de studenter som genomförde värderingen och till de studenter som ska påbörja kursen.

Övrigt

Kursen är samläst med Chalmers.

Det rekommenderas att ha läst en grundläggande kurs i datastrukturer. Kunskaper inom grundläggande kemi (atomer och molekyler och kemisk bindning) är nyttigt.