



INSTITUTIONEN FÖR DATA- OCH INFORMATIONSTEKNIK

DIT743 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 2020-12-18 och senast reviderad 2022-11-15. Den reviderade kursplanen gäller från och med 2023-08-28, höstterminen 2023.

Utbildningsområde: Naturvetenskapligt 100 %

Ansvarig institution: Institutionen för data- och informationsteknik

Inplacering

Kursen erbjuds inom flera program. Den 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), 3) Matematiska vetenskaper, masterprogram (N2MAT) och 4) Applied Data Science masterprogram (N2ADS)

Huvudområde

Datavetenskap

Data Science

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 60 godkända högskolepoäng inom datavetenskap, programvaruteknik, data science, matematik, matematisk statistik, eller motsvarande. Det krävs också en programmeringskurs (DIT012 Imperativ programmering med grundläggande objektorientering, DIT042 Objektorienterad programmering, DIT143 Funktionell programmering, eller motsvarande) samt en grundläggande kurs i diskret

matematik (DIT980, DIT856 eller motsvarande).

Följande kunskapsnivå i Engelska krävs; Engelska 6/Engelska B eller motsvarande från ett erkänt internationellt test, t.ex. TOEFL, IELTS.

Lärandemål

Efter godkänd kurs ska studenten kunna:

Kunskap och förståelse

- beskriva och sammanfatta problem som har tagits upp i bioinformatiklitteraturen, och beräkningsmetoder för att lösa dem

Färdigheter och förmåga

- utforma och implementera beräkningsproblemlösningar inom bioinformatik

Värderingsförmåga och förhållningssätt

- kritiskt diskutera olika bioinformatikmetoder som adresserar samma uppgift eller relaterade uppgifter och diskutera skillnader i de uppdragen uppgifterna eller skillnader i beräkningsmetoderna
- identifiera situationer där samma beräkningsmetoder tillämpas när man tar itu med olika problem, även inom olika tillämpningsområden

Innehåll

I denna kurs visas hur beräkningsmetoder som traditionellt presenteras i datavetenskapliga kurser även kan appliceras inom ett tillämpat område: bioinformatik.

Vi behandlar problem som uppkommer i samband med analys av biologiska datasekvenser (sekventiell bioinformatik) och makromolekylära strukturer (strukturell bioinformatik). Som datavetare måste man kunna identifiera och förstå problem med ursprung i områden som inte är att betrakta som direkt datortekniska eller datavetenskapliga, och identifiera datavetenskapliga metoder som behövs för att hantera dem. I kursen introduceras också begrepp inom biologin som krävs för att förstå de uppkomna problemställningarna.

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 värderar 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.

Delkurser

1. Inlämningsuppgifter (*Assignments*), 7,5 hp

Betygsskala: Mycket väl godkänd (5), Väl godkänd (4), Godkänd (3) och Underkänd (U)

Former för undervisning

Föreläsningar och programmeringsövningar.

Undervisningsspråk: engelska

Former för bedömning

Kursen examineras genom individuella inlämningsuppgifter inom programmering och skriftliga inlämningsuppgifter.

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 Mycket väl godkänd (5), Väl godkänd (4), Godkänd (3)

och Underkänd (U).

På kursen ges något av betygen Underkänd (U), 3, 4 eller 5.

För att få godkänt på kursen måste samtliga obligatoriska moment vara godkända. För att få ett högre betyg än godkänt så krävs ett högre viktat genomsnitt på de obligatoriska momenten.

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.

Övrigt

Kursen är samläst med Chalmers.

Kurslitteratur kommer att publiceras senast 8 veckor innan kursstart.

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

Kursen ersätter kursen DIT741 Beräkningsmetoder i bioinformatik, 7,5 hp. Den här kursen kan inte ingå i en examen som innehåller DIT741. Den kan inte heller ingå i en examen som bygger på en annan examen där DIT741 ingår.