



INSTITUTIONEN FÖR MARINA VETENSKAPER

NMAR302 Introduktion till bioinformatiska verktyg för populationsgenomisk dataanalys , 2,5 högskolepoäng

An introduction to bioinformatic tools for population genomic data analysis, 2.5 credits

Forskarnivå / Third-cycle level

Fastställande

Kursplanen är fastställd av Institutionen för marina vetenskaper 2020-05-05 att gälla från och med höstterminen 2020.

Ansvarig institution

Institutionen för marina vetenskaper, Naturvetenskapliga fakulteten

Förkunskapskrav

Antagen till forskarutbildning

Lärandemål

Se underrubriker nedan.

Kunskap och förståelse

- a. Demonstrera avancerad kunskap om experimentella strategier, applikationer och bioinformatiska verktyg för populationsgenomik.
- b. Demonstrera avancerad kunskap om genomikens potential tillvägagångssätt för att svara på frågor som gäller hela världen, särskilt för övervakning av biologisk mångfald.

Färdighet och förmåga

- a. Möjlighet att använda grundläggande kommandon i Unix-kommandoradsmiljöer (omformatering av data med regular expressions, grundläggande skript, körning av pythonskript från unix-skalet)
- b. Möjlighet att använda olika mjukvaruverktyg för att analysera sekvensdata från restriktionsdigererad DNA (data rengöringssteg, klustring av reads, mappning till referensgenom,

extrahering och filtrering av genotypdata.

c. Möjlighet att använda programvaruverktyg för populationsgenomik för att assemblera genom / transkriptom, och utföra genuttryck / kartläggning, differentialgenuttryck, funktionella berikningstest, SNP genotypning, PCA, outlier tester, populationsstruktur och demografisk analys.

Värderingsförmåga och förhållningssätt

Formulera egna forskningsfrågor, identifiera data och verktyg som behövs för att svara på dessa frågor och kritiskt utvärdera och analysera resultaten.

Innehåll

Kursen syftar till detaljerad förståelse och praktisk erfarenhet av att använda toppmoderna bioinformatikledningar för egna biologiska forskningsfrågor. En viktig aspekt av kursen är att visa hur genomiska data kan tillämpas för att adressera och svara på forskningsfrågor inom genetik, ekologi, befolkningsbiologi, övervakning och bevarande av biologisk mångfald. Studenterna kommer att utbildas i de senaste bioinformatiska metoderna för att analysera data med hög genomströmningsfölj, som är närvarande i många forskningsprojekt. Kursen kommer att omfatta grundläggande datorverktyg som krävs för att köra kommandoradsapplikationer, bearbetning av hög genomströmnings-sekvenseringsdata för hela genom / exome / restriktionsställe digererat (RAD) DNA för population genomiska studier.

Den första delen av kursen introducerar generella beräkningsverktyg för nybörjare som UNIX kommandoradsmiljö, bash-kommandon, datformatering med regelbundna uttryck och grundläggande skript i unix-skalet med en serie exempel och övningar med en fjärrserver. Kursen introducerar bioinformatik programvara för analys av RAD-data och nedströms populationsgenetisk analys av genotypdata. Kursen introducerar också grundläggande och avancerade begrepp inom dataanalys av population genomik, såsom genom- / transkriptommontering, inriktning / kartläggning, differentialgenuttryck, funktionell berikningstest, SNP genotyping, PCA, populationstrukturanalys, outliertest och demografisk analys baserad på allel frekvensspektra (AFS). Kursen motsvarar 1 veckors heltidsstudier och består av föreläsningar, demonstrationer och datalaboratorier.

Undervisningsformer

Undervisningen ges genom en kombination av föreläsningar som introducerar ämnen, följt av praktiska övningar i dataanalys. Dessutom avslutas kursen med grupparbete i dataanalys, följt av muntliga presentationer.

Undervisningsspråk

Kursen ges på engelska.

Betyg

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

Former för bedömning

Bedömningen sker genom observation av resultatet av de praktiska övningarna. Dessutom innehåller kursens sista dag en övning där deltagare kommer att tillämpa nyinlärade färdigheter på ett givet dataset, följt av grupppresentationer av resultat.

Kursvärdering

Kursutvärderingen kommer att genomföras genom ett online frågeformulär.