

Kursus i bioinformatik (3 dage)

Kurset i bioinformatik består af teoretisk undervisning og af praktiske færdighedsøvelser. Den teoretiske del består overvejende af forelæsninger; den praktiske del af færdighedsøvelser og diskussionstimer. Kurset skal sikre kendskab til bioinformatik for aktivt at kunne samarbejde med lægelige og ikke-lægelige kolleger i den kliniske mikrobiologiske afdeling i arbejdet med at etablere molekylærbiologiske analyser, fortolke resultater og anvende data fra DNA sekventering som identifikations- og typningsmetode. Endvidere erhverver kursisterne den fornødne indsigt i bioinformatisk metode til at vurdere og fortolke mikrobiologisk litteratur, der anvender disse metoder.

Efter kursus forventes kursisterne at kunne:

- anvende bioinformatiske ressourcer til udformning af mikrobiologiske, molekylærbiologiske undersøgelser, herunder
 - foretage søgninger efter sekvenser på internettet (fx Entrez nucleotide)
 - foretage og fortolke parvis alignment
 - foretage multiple alignment v.hj.a. internetbaserede ressourcer
 - identificere genogrupper ved hjælp af fylogenetisk rekonstruktion ved distance baserede metoder
 - anvis konserverede regioner egnede til PCR ud fra en multiple alignment
 - udvælge primere til PCR v.hj.a. internetbaserede ressourcer
- anvende data fra DNA sekventering som typnings- og identifikationsmetode
 - foretage søgning efter homologe sekvenser på Internettet (fx Blast) og kunne vurdere signifikansen af søgeresultater (bit-score og E-score)
 - anvende en multiple alignment til phylogenetisk rekonstruktion ved distancebaserede metoder
 - vurdere en fylogenetisk rekonstruktion ved statistiske metoder, herunder specielt bootstrapping.
- anvende bioinformatiske ressourcer til udformning af mikrobiologiske, molekylærbiologiske undersøgelser, herunder
 - foretage søgninger efter sekvenser på internettet (e.g. Entrez nucleotide)
 - foretage og fortolke parvis alignment
 - foretage multiple alignment v.hj.a. internetbaserede ressourcer
 - identificere genogrupper ved hjælp af fylogenetisk rekonstruktion ved distance baserede metoder
 - anvis konserverede regioner egnede til PCR ud fra en multiple alignment
 - udvælge primere til PCR v.hj.a. internetbaserede ressourcer.