**INF281**

**Undervisningssemester**

Vår.

**Mål og innhald**

Kurset dekkjer grunnleggjande sekvensanalyse i bioinformatikk, då særleg analyse av proteinsekvensar. Emne som blir dekka er globale og lokale parvise samanstillingar, samanstillingar av fleire sekvensar, stamtre, skåringsmatriser, søk i proteindatabasar, p- og e-verdiar, målingar av klassifiserings-yting, profilar, skjulte Markov modellar, og sekvensmønster. Kurset inneheld óg ei gjennomgang av grunnleggjande emne innan molekylærbiologi.

**Læringsutbyte**

Ved slutten av kurset skal du vere i stand til å:   
- Gjenge grunnleggjande fakta og resultat innan molekylærbiologi og evolusjon som er relevant til kurset, og å knytte dei saman med forskjellege algoritmar.   
- Samanlikne tekniske aspekt ved algoritmar for parvise lokale og globale sekvenssamanstilling

- Samanlikne samanstilling av to eller fleire sekvensar med omsyn til utfordringar og bruksområde.   
- Gjennomgå mål for klassifiseringsyting innanfor biologisk sekvensanalyse   
- Kunne implementere grunnleggjande bioinformatikk-algoritmar.

**Krav til forkunnskapar**

Ingen

**Tilrådde forkunnskapar**

Kunne implementere grunnleggjande algoritmar i eit programmeringsspråk som ein veljar sjølv. Ein basal forståing for algoritmar og deira effektivitet er eit krav.

**Obligatorisk undervisningsaktivitet**

Godkjente obligatoriske oppgåver.

Obligatoriske aktivitetar er gyldige i to semester, det semesteret aktiviteten blir utført samt det påfølgjande.

**Vurderingsformer**

Skriftleg eksamen. Dersom det er færre enn 20 studentar kan det bli munnleg eksamen. Obligatoriske arbeidskrav inngår i vurderingsgrunnlaget for eksamen.

Enkel kalkulator er tillate som hjelpemiddel under skriftleg eksamen.

**Karakterskala**

Ved sensur av emnet vert karakterskalaen A-F nytta.

**Fagleg overlapp**

INF280: 5 stp, INF282: 5 stp

**Emneevaluering**

Studentane skal evaluere undervisninga i tråd med UiB og instituttet sitt kvalitetssikringssystem.

KONTAKT

**Kontaktinformasjon**

Forelesar og Administrativ kontaktperson finn du på Mitt UiB, kontakt ev studiekonsulenten på instituttet.

# Basics of bioinformatics sequence analysis

* **ECTS credits** 10
* **Teaching semester** Spring
* **Course code** INF281
* **Number of semesters**1
* **Language** English (or Norwegian if possible and desired)
* **Resources**
  + [Schedule](http://rom.app.uib.no/timeplanliste.php?emne=INF281&periode=2017v&lang=en&simple=1)
  + [Reading list](https://lticanvas.uib.no/lti-reading-list/download/en/INF281/2017V)

### Semester of Instruction

Spring.

### Objectives and Content

The course covers the basics of bioinformatics sequence analysis, in particular the analysis of protein sequences. Topics covered are global and local pairwise alignment, multiple alignment, phylogenetic trees, score matrices, protein database search, p- and e-values, measures of classification performance, profiles, hidden Markov models, and sequence patterns. The course also briefly reviews the necessary basics of molecular biology.

### Learning Outcomes

At the end of the course you should be able to:   
- explain the molecular biology and evolution basics pertaining to the course and connect them with the various algorithms   
- compare technical aspects of pairwise local and global sequence alignment algorithms   
- compare pairwise and multiple sequence alignment in terms of challenges and application   
- review classification performance measures in the fields of biological sequence analysis   
- create working implementations of basic bioinformatics algorithms

### Required Previous Knowledge

None

### Recommended Previous Knowledge

Be able to implement basic algorithms in a programming language of your own choice. A basic understanding of algorithms and efficiency is required.

### Compulsory Assignments and Attendance

Compulsory exercises

### Forms of Assessment

Written exam. If less than 20 students take the course, an oral exam might be arranged.   
Compulsory exercises count towards the final grade.

### Grading Scale

The grading scale used is A to F. Grade A is the highest passing grade in the grading scale, grade F is a fail.

### Subject Overlap

INF280: 5 ECTS, INF282: 5 ECTS

# INF 283

# Innføring i maskinlæring

* **Studiepoeng** 10
* **Undervisingssemester** Haust
* **Emnekode** INF283
* **Talet på semester** 1
* **Språk** Engelsk (norsk om mogleg og ønskjeleg)
* **Ressursar**
  + [Timeplan](http://rom.app.uib.no/timeplanliste.php?emne=INF283&periode=2017v&lang=&simple=1)

### Undervisningssemester

Haust

### Mål og innhald

Emnet dekkjer grunnleggjande maskinlæring med tanke på bruk innan bioinformatikk. Emne som blir dekka er læringsproblem, konseptlæring, læring av slutningstre, bayesiansk læring, og støttevektor-maskinar (support vector machines).

### Læringsutbyte

Ved slutten av kurset skal du vere i stand til å:   
- Gjenge dei grunnleggjande idéane innan maskinlæring   
- Samanlikne modelleringsaspekt ved forskjellege tilnærmingar til maskinlæring   
- Implementere maskinlærings-algoritmar

- Kunne bruke og evaluere maskinlæringsalgoritmar på reelle datasett

### Krav til forkunnskapar

MAT121

### Tilrådde forkunnskapar

Kunne implementere grunnleggjande algoritmar i eit programmeringsspråk ein veljar sjølv.

### Obligatorisk undervisningsaktivitet

Godkjente obligatoriske oppgåver Obligatoriske aktivitetar er gyldige to semester, det semesteret aktiviteten blir utført samt det påfølgjande.

### Vurderingsformer

Munnleg eksamen. Dersom det er fleire enn 20 studentar kan det bli skriftleg eksamen. Obligatoriske arbeidskrav inngår i vurderingsgrunnlaget for eksamen.

Ingen lovlege hjelpemiddel.

### Karakterskala

Ved sensur av emnet vert karakterskalaen A-F nytta.

### Fagleg overlapp

INF280: 5 stp

### Evaluering

Studentane skal evaluere undervisninga i tråd med UiB og instituttet sitt kvalitetssikringssystem.

# Introduction to Machine Learning

* **ECTS credits** 10
* **Teaching semester** Autumn
* **Course code** INF283
* **Number of semesters**1
* **Language** English (Norwegian if possible and desired)
* **Resources**
  + [Schedule](http://rom.app.uib.no/timeplanliste.php?emne=INF283&periode=2017v&lang=en&simple=1)

### Semester of Instruction

Autumn

### Objectives and Content

The course covers the basics of machine learning, with a view towards bioinformatics applications. Topics covered are learning problems, concept learning, decision tree learning, Bayesian learning, and support vector machines.

### Learning Outcomes

At the end of the course you should be able to:   
- explain the basic ideas of machine learning   
- compare modeling aspects of various machine learning approaches   
- create working implementations of machine learning algorithms

- apply and evaluate machine learning algorithms on real data sets

### Required Previous Knowledge

MAT121

### Recommended Previous Knowledge

Be able to implement basic algorithms in a programming language of your own choice.

### Compulsory Assignments and Attendance

Compulsory exercises

### Forms of Assessment

Oral exam. If more than 20 students take the course, a written exam will be arranged.   
Compulsory exercises count towards the final grade.

No aids allowed

### Grading Scale

The grading scale used is A to F. Grade A is the highest passing grade in the grading scale, grade F is a fail.

### Subject Overlap

INF280: 5 ECTS

# Genomikk, transkriptomikk og proteomikk

* **Studiepoeng** 10
* **Undervisingssemester** Haust
* **Emnekode** INF285
* **Talet på semester**1
* **Språk** Engelsk (eller norsk om mogleg og ønskjeleg)
* **Ressursar**
  + [Timeplan](http://rom.app.uib.no/timeplanliste.php?emne=INF285&periode=2017v&lang=&simple=1)

### Undervisningssemester

Haust. Oppstart haust 2016

### Mål og innhald

Kurset dekkjer grunnleggjande genomikk, transkriptomikk og proteomikk analyse. Dette inkluderer genom-vide analyser (genprediksjon, regulatoriske element, neste-generasjons sekvensering og analyse inkludert analyse av genomisk variasjon og ChIP-sekvensering og analyse) og transkriptom-vide analyser som analyse av genuttrykk. Kurset dekkjer og grunnleggjande proteomikk ved bruk av masse-spektrometri og metodar for å analysere slike data.

### Læringsutbyte

Ved slutten av kurset skal du vere i stand til å:   
- forklare grunnleggjande statistikk som er relevant i genomikk, transkriptomikk og proteomikk studiar   
- gjennomgå bruksområde og metodar for sekvenserings tilnærmingsmåtar i genomikk, transkriptomikk og proteomikk   
- implementere analyse ”pipeline” for data frå genomikk, transkriptomikk og proteomikk

### Krav til forkunnskapar

[INF281](http://www.uib.no/nb/emne/INF281) Innføring i bioinformatisk sekvensanalyse

### Tilrådde forkunnskapar

Kunne implementere grunnleggjande algoritmar i eit programmeringsspråk som ein veljar sjølv, samt vere erfaren med bruk av kommando-line Linux. Ein basal forståing for algoritmar og deira effektivitet er eit krav.

### Obligatorisk undervisningsaktivitet

Godkjente obligatoriske oppgåver.

Obligatoriske aktivitetar er gyldige to semester, det semesteret aktiviteten blir utført, samt det påfølgjande.

### Vurderingsformer

Munnleg eksamen. Dersom det er fleire enn 20 studentar kan det bli skriftleg eksamen. Obligatoriske arbeidskrav inngår i vurderingsgrunnlaget for eksamen.

Enkel kalkulator er tillatesom hjelpemiddel under skriftleg eksamen.

### Karakterskala

Ved sensur av emnet vert karakterskalaen A-F nytta.

### Fagleg overlapp

INF282: 5 stp

### Emneevaluering

Studentane skal evaluere undervisninga i tråd med UiB og instituttet sitt kvalitetssikringssystem.

# Genomics, transcriptomics and proteomics

* **ECTS credits** 10
* **Teaching semester** Autumn
* **Course code** INF285
* **Number of semesters** 1
* **Language** English (or Norwegian if possible and desired)
* **Resources**
  + [Schedule](http://rom.app.uib.no/timeplanliste.php?emne=INF285&periode=2017v&lang=en&simple=1)

### Semester of Instruction

Autumn. The course will be taught for the first time in 2016.

### Objectives and Content

### The course covers the basics of genomics, transcriptomics and proteomics analysis. This includes genome-wide analyses (gene prediction, regulatory elements, next-generation sequencing and analysis including genomic variant analysis and ChIP-sequencing and analysis), and transcriptome-wide analyses including gene expression analysis. The course also includes an introduction to mass spectrometry based proteomics and methods for analyzing the resulting data.

### Learning Outcomes

At the end of the course you should be able to   
- explain the basis of the statistics pertaining to genomics, transcriptomics, and proteomics studies   
- review applications and methods of sequencing approaches in genomics, transcriptomics, and proteomics   
- create working implementations of genomics, transcriptomics, or proteomics analysis pipelines

### Required Previous Knowledge

[INF281](http://www.uib.no/en/course/INF281) Basics of bioinformatics sequence analysis

### Recommended Previous Knowledge

Be able to implement basic algorithms in a programming language of your own choice and to be well-versed in a command-line Linux environment. A basic understanding of algorithms and efficiency is required.

### Compulsory Assignments and Attendance

Compulsory exercises

### Forms of Assessment

Oral exam. If more than 20 students take the course, a written exam might be arranged. The compulsory exercises count towards the final grade.

### Grading Scale

The grading scale used is A to F. Grade A is the highest passing grade in the grading scale, grade F is a fail.

### Subject Overlap

INF282: 5 ECTS