



LUNDS UNIVERSITET

Medicinska fakulteten

Forskarutbildningsnämnden, FUN

Det mänskliga genomet och storskaliga metoder inom cancerforskning, MEMGSM1

The human genome and high-content methods in cancer research

1.5 högskolepoäng

Nivå F

Allmänna uppgifter

Kursen ges som del av Cancerforskar skolan CARES kursutbud. Den är i mån av plats även öppen för övriga doktorander. Kursen vänder sig till forskarstuderande vid Lund och Göteborgs universitet som önskar fördjupa sina kunskaper om storskaliga metoder för att studera cancergenomet. Kursen ges på heltid och motsvarar en veckas heltidsstudier.

Undervisningsspråk

Engelska.

Syfte

Syftet med kursen är att ge en bred förståelse för det humana genomets uppbyggnad och storskaliga genomiska metoder som finns för att studera detta. Under kursen beskrivs de vanligaste typerna av genetiska förändringar som bidrar till cancer och möjlighet ges till reflektion kring de för- och nackdelar som teknikerna har. Detta lägger också grunden för insikter om vilken teknik som skall användas i en given situation. Kursen ger också insikter i de resurser och verktyg som finns tillgängliga för studier inom cancer, både ur ett teoretiskt och praktiskt perspektiv. Dessa kunskaper är grundläggande för att kunna utvärdera och utföra analyser av genomisk data.

Mål för kursen

Efter avslutad kurs ska kursdeltagaren kunna:

- självständigt använda publika webportaler för att studera, analysera och tolka tumör genomisk data från vetenskapliga artiklar.
- under handledning tillämpa bioinformatiska program för att analysera tumörbiologisk data samt självständigt kunna beskriva hur analysen utförts och reflektera över resultaten.
- reflektera över och kritiskt utvärdera data från genomiska tekniker samt diskutera resultaten av forskningen i seminarieform.
- visa kritiskt tänkande i utvärderingen av effekten och betydelsen av genetiska avvikelser för tumörbiologi på en nivå som motsvarar ett vetenskapligt seminarium inom området.

Fastställdav FUN 2015-12-09, gäller från 2015-12-09

Kursinnehåll

Kursen ger en bred introduktion till det humana genomet, de förändringar som sker i cancergenomen i olika tumörtyper, principer och projekt för kartläggning och sekvensering av det humana genomet. Kursen introducerar grundläggande koncept bakom metoder såsom microarrays, nästa generations sekvensering, proteomik-metoder, tissue microarrays för immunohistokemi och deras användande för att studera förändringar i metylering, genexpression, DNA, och proteinuttryck . Kursen täcker även funktionell genomisk screening med RNAi och genomtäckande associationsstudier (GWAS).

Kursupplägg

Kursen består av fem heldagar som är obligatoriska och baserade på aktivt deltagande hos studenterna. En blandning av olika undervisningsformer såsom föreläsningar och individuella praktiska övningar samt ett löpande grupparbete som presenteras inför, och diskuteras med alla kursdeltagare kommer att tillämpas för att uppnå kursmålen. Övningsuppgifterna som presenteras under kursen kommer att vara baserade på redan publicerad genomisk data inom cancerområdet.

Examination

För godkänd kurs krävs närvaro och aktivt deltagande vid samtliga moment inkluderande seminarier, samt genomförande av de praktiska övningarna under kursen. Examination sker genom bedömningar av individuella inlämningsuppgifter som beskriver resultatet av de praktiska övningarna samt genom avslutande presentation.

Betygsskala

Godkänd eller underkänd.

Förkunskapskrav

För att antas ska doktoranden ha en grundexamen inom medicin, biomedicin, molekylärbiologi eller motsvarande och vara antagen till doktorandutbildning vid Lunds eller Göteborgs universitet.

Litteratur

Vetenskapliga artiklar, ca 5-10 totalt.