

## Lærervejledning

# Bioinformatik – en introduktion

### Beskrivelse af undervisningsmateriale

I dette undervisningsmateriale beskrives en række hyppigt anvendte bioinformatiske værktøjer, samt brugen af disse. For at kunne anvende værktøjerne, samt fortolke de producerede resultater, hører der også et teori-afsnit til materialet, hvori den biologiske baggrund for værktøjerne beskrives. De forskellige værktøjer kan prøves af i en række caseopgaver, der tager udgangspunkt i biologiske problemstillinger.

Læringskomponenter	
Teori – grundteori og konkrete cases	x
Opgaver – teoretiske spørgsmål	X
Opgaver - problemløsning	X

### Anvendelse

For at kunne arbejde med caseopgaverne skal kapitlerne om de bioinformatiske værktøjer læses og forstås. Teoriafsnittene, der beskriver den biologiske baggrund for værktøjerne, kan læses hvis dybere forståelse for værktøjerne ønskes. Hver case består af underopgaver, der kan løses enkeltvis eller som en del af den større case. I sidstnævnte tilfælde anbefales der, at man arbejder med underopgaverne i kronologisk rækkefølge.

### Niveau

Materialet henvender sig til elever med Bioteknologi A eller Biologi A/B.

Materialet har få forudsættelser, men kendskab til molekylærbiologiens centrale dogme er en fordel. Kendskab til evolution og mekanismerne bag er også en fordel.

### Dækket kerne stof - jf. [Læreplan "Bioteknologi A – stx 2017"](#)

- Makromolekyler: Aminosyrer, proteiner, enzymer
- Genetik og molekylærbiologi: anvendt bioinformatik,

### Dækket supplerende stof - jf. [Læreplan "Bioteknologi A – stx 2017"](#)

### Overordnet indholdsbeskrivelse af de enkelte dele:

- **Teori**  
Afsnittet beskriver strukturen af codons og læserammer, hvordan fylogenetiske træer kan konstrueres, hvordan proteiner og aminosyrer er opbygget, og hvordan sekvenser kan sammenlignes ved brug af alignments.
- **Bioinformatiske øvelser**  
En række af hyppigt anvendte bioinformatiske værktøjer gennemgås. De omtalte værktøjer er BLAST, FigTree, NCBI, GenBank, PDB, PyMol, UniProt, og Virtual Ribosome. Til hvert værktøj hører der en beskrivelse af værktøjets inputs og outputs, samt hvilke indstillinger hvert program kan køre med, og betydningen af disse.
- **Caseopgaver**  
Der stilles fire caseopgaver, der hver tester de studerende i brugen af de beskrevne værktøjer. Hver case består af underopgaver, der beskæftiger sig med et af de beskrevne værktøjer.