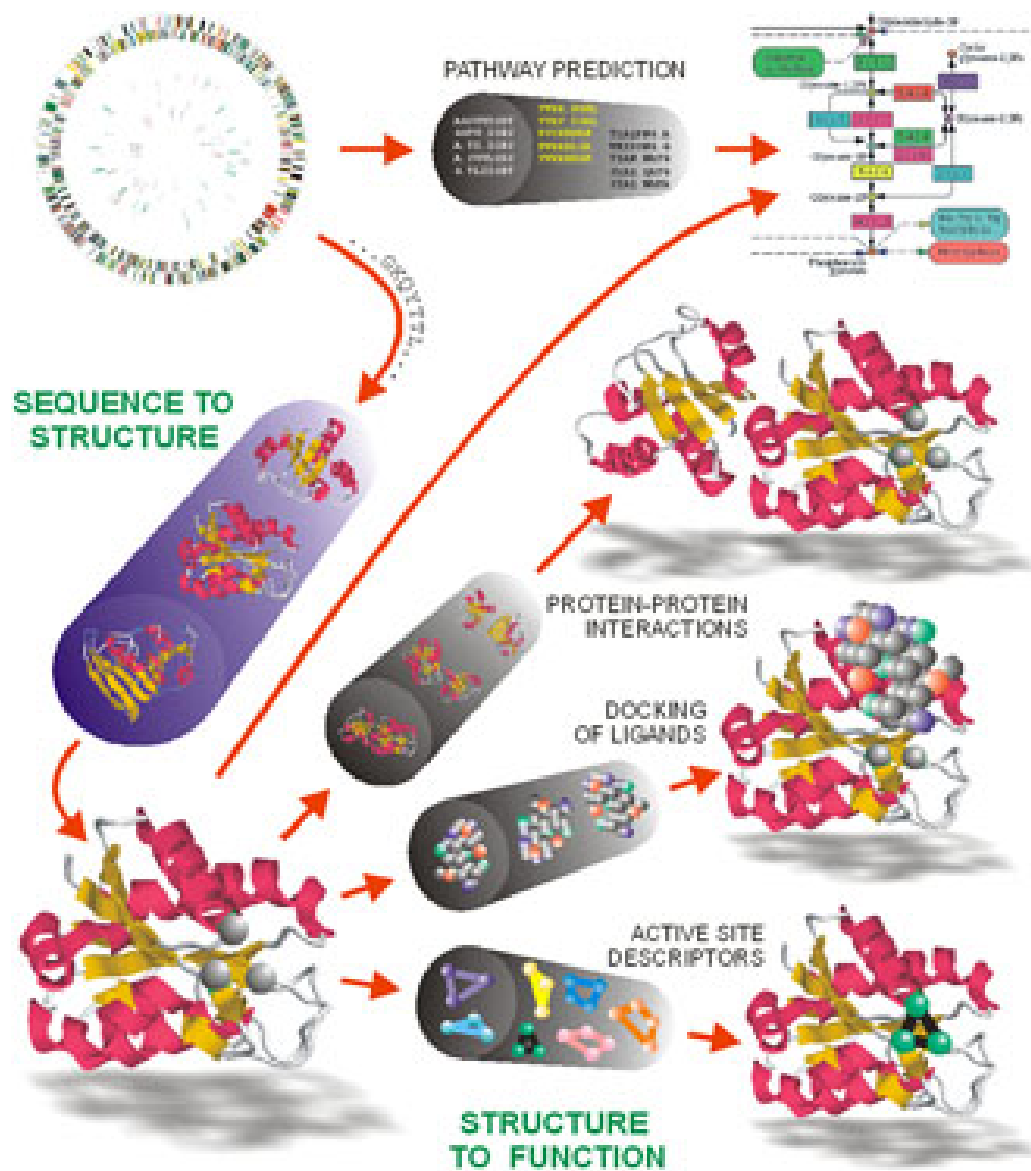


# Bioinformatikkstudiet ved Norges landbrukshøgskole

2002-2007



(<http://bioinformatics.danforthcenter.org/>).

Vedlegg (utgave 2) til studiehåndbok for Naturvitenskapelige fag (NV), 'den Grønne boka'. Heftet inneholder orientering og studieplan for bioinformatikkstudiet ved Norges landbrukshøgskole.

## Innholdsoversikt

Innholdsoversikt.....	2
Hva er bioinformatikk? .....	2
Bioinformatikk ved NLH.....	3
Jobbmuligheter med en MSc i bioinformatikk .....	4
Hva du gjør om du vil ta en BSc i bioinformatikk.....	4
Studieplan for bioinformatikkstudiet .....	5
Bachelorstudiet.....	5
Masterstudiet i bioinformatikk.....	6
Studieutvalget i bioinformatikk .....	7
Aktuelle veiledere for MSc-oppgaven.....	7
Institutt for husdyrfag.....	7
Institutt for kjemi og bioteknologi .....	8
Institutt for matematiske fag.....	10
Institutt for plantefag.....	10

## Hva er bioinformatikk?

I hver eneste celle i en levende organisme ligger det DNA-molekyler som inneholder organismens gener eller arvestoff. DNA-molekylet har form av to skruer som snurrer seg rundt hverandre og holdes sammen av kjemiske bindinger ved hjelp av såkalte basepar. Det finnes bare fire forskjellige baser, A, C, G og T, og med disse fire "bokstavene" blir hele den genetiske informasjonen i en organisme skrevet. Langt ifra hele genomet er gener, bare små biter av det, og hvert gen koder for (gir opphav til) et protein som har en eller annen funksjon i cellen. I dag er det mulig å bestemme DNA-sekvensen på hele genomer, dvs at man får en streng på flere millioner baseparer (bokstaver) som innebærer all genetisk informasjon i en organisme. Denne fantastiske muligheten reiser en rekke utfordringer innen (bio)informatikk. For eksempel: hvordan håndterer man de enorme datamengdene som blir produsert når man bestemmer en genomsekvens? Hvordan kan man finne gener i genomskvenser (det finnes flere tusen gener)? Og hvis man har funnet et gen, hvordan finner man ut hvilken funksjon dette genet har? Hvordan kan man sammenligne tusenvis av gener fra en organisme med tusenvis av gener fra en annen organisme? Kan man finne ut noe om hvordan det proteinet som genet koder for ser ut? Tatt i betraktning at det sannsynligvis er 30-40 000 gener i det humane genomet og omtrent en million ulike proteiner, kan oppgava synes uoverkommelig. Det er som å skulle dechiffrere en tjukk instruksjonsbok skrevet i en veldig vanskelig kode. Vi kjenner alfabetet (det har som nevnt bare fire bokstaver!), men strever med å identifisere ordene i kodespråket. Vi forstår et og annet ord, men det er langt igjen før vi kan lese hele boka og skjønner hva som skjer når hver enkelt instruksjon (gen) blir satt ut i livet.

Det finnes flere kompliserende forhold. Genene skrus av og på etter kompliserte regler som vi bare delvis kjenner, og fungerer ikke uavhengig av hverandre. Cellene er heller ikke uavhengige, de utveksler signaler og påvirker hverandre. Hvis vi til slutt en dag

vil forstå "alt", er det nødvendig å se gener, proteiner og celler som et komplekst regulatorisk nettverk som bestemmer hvordan organismen fungerer.

De mest avanserte metoder fra informatikk, statistikk og matematikk må tas i bruk for å håndtere, organisere og analysere de store datamengdene. Etterpå er den store utfordringen å trekke biologisk relevant informasjon ut av dataene og å utvikle matematiske modeller som kan forklare strukturer og funksjoner i organismen. Dette er bioinformatikk.

Perspektivene er nesten overveldende. Medisinere vil få bedre forståelse av årsakene til alvorlige sykdommer og hvordan de kan bekjempes, og farmasøytiske firmaer får bedre grunnlag for å utvikle medikamenter. Ved å se på aktiviteten til alle gener i en uønsket matbakterie under forskjellige forhold, kan man kanskje finne ut hvordan bakterien best kan bekjempes. Tradisjonell prøving og feiling i laboratorium kan erstattes av et systematisk arbeid basert på en reell innsikt i biologiske prosesser som forårsaker sykdommer. Planteforedling, husdyravl, mikrobiologi, genetikk, økologi, plante- og husdyrfysiologi, plante- og dyresykdommer, matvarekvalitet og skadedyrbekjempelse er blant de sentrale landbruksvitenskapelige fagfelt som vil nyte godt av denne nye kunnskapsflommen.

## **Bioinformatikk ved NLH**

Mange universiter har etablert studieprogram i bioinformatikk, med litt ulik profil og innhold avhengig av hvilke fag de er sterke i. Her ved NLH har vi lagt oss på en relativt bred definisjon som brukes ved andre universiteter i utlandet. *Vi ønsker å framheve at bioinformatikk er et ekte tverrfaglig fagfelt der informatikk, matematikk og statistikk kombineres med molekylærbiologi, cellebiologi og genetikk.* Den sterke kompetansen NLH har i bio(tekno)logi, molekylærgenetikk, genetikk og matematisk cellebiologi gjør at her kan du legge opp et studium i bioinformatikk som ingen andre høgere læresteder i Norge kan tilby deg maken til. Gjennom MedCoast-alliansen samarbeider NLH med Norges veterinærhøgskole, Universitetet i Oslo, Universitetet i Gøteborg og Chalmers tekniske høgskole i Gøteborg. Det arbeides med å utvikle denne alliansen slik at du kan dra nytte av kurs og lærerkrefter ved disse institusjonene også i løpet av studiet ditt. NLH er også med i FUGE – det store programmet for funksjonell genomforskning i Norge.

NLH har nylig fått innvilget flere store prosjekter med tilknytning til bioinformatikk og med en samlet ramme på bortimot 100 millioner kroner for de neste 5 årene. Dette vil gi bioinformatikken et kraftig løft og gjøre oss til et ledende senter i Norge i bioinformatikk og funksjonell genomikk. Ved siden av eksperimentelt dyktige molekylærgenetiske og bioteknologiske miljøer har vi sterke populasjons- og kvantitativgenetiske forskningsmiljøer. Vi har bygd opp store databaser over fenotypiske karakteristika hos planter og dyr, og har utviklet moderne matematiske og statistiske metoder for å analysere disse. Vi har også satset på å utvikle molekylærgenetiske og matematiske metoder for å analysere komplekse biologiske systemer. I tillegg finnes det store og dyktige forskningsmiljøer som studerer både ønskede og uønskede matbakterier ved hjelp av de nye mulighetene som genomsekvensering gir. NLH har derfor gode forutsetninger for å satse på bioinformatikk.

## Jobbmuligheter med en MSc i bioinformatikk

Med en MSc i bioinformatikk fra NLH vil du kunne mye biologi og dessuten beherske et helt register av matematiske, statistiske og informatiske metoder. Du vil først og fremst være kvalifisert for jobber i

- universiteter, høyskoler og industri,
- skoleverk og offentlig forvaltning,
- forskning og utredning innen dyre- og planteforedlingsbedrifter, næringsmiddelindustri og biomedisinske bedrifter,
- selskaper som leverer kunnskapsprodukter til internasjonal biomedisinsk og produksjonsbiologisk industri.

Du vil også kunne gå inn i

- analytisk orienterte jobber innen bank, finans, forsikring, og industri hvor det er stort behov for kandidater med kunnskap om metoder for å finne mønstre i store datamengder (såkalt *datamining*),
- andre bedrifter som krever kunnskaper om programmering og evne til analytisk tenkning.

Du skal også være klar over at det er *stor* mangel på bioinformatikere i de fleste industrialiserte land, så med tilstrekkelige språkkunnskaper vil du også kunne få interessante jobber i utlandet.

NLH er det første høgere lærested i Norge som tilbyr et fullt femårig studium i bioinformatikk, så om du velger dette hovedfaget, vil du ligge langt framme i løypa.

## Hva du gjør om du vil ta en BSc i bioinformatikk

Du som leser dette, er antakelig tatt opp som student ved studieretning Naturvitenskapelige fag (NV). NV-studiet er et femårig studium som leder fram til graden cand.scient. Nylig vedtok Stortinget at cand.scient.-studiet skal gjøres om til et Bachelor- og Masterstudium på 3 + 2 år, seinest fra 2003. Studieplanene i den grønne boka er for cand.scient.-studiet, men alle som er tatt opp på NV i år, kommer til å bli uteksaminert som Bachelor og Master (BSc og MSc). Studieplanen for bioinformatikkstudiet som står i dette heftet, er allerede utforma som et BSc- og MSc-studium.

Du trenger ikke avgjøre med det samme om du vil velge et BSc- og MSc-studium i bioinformatikk. Men hvis du vil holde muligheten åpen, må du velge emner i første studieår i samsvar med studieplanen for bioinformatikk som står nedenfor. Dette valget utelukker ikke at du kan velge et annet hovedfag under NV. Om alt går bra, blir du Bachelor i bioinformatikk etter 3 års studium. Da kan du søke opptak til Masterstudiet i bioinformatikk (2 år). For å bli tatt opp til Masterstudiet i bioinformatikk må du dessuten velge flere emner i matematikk, statistikk og informatikk enn dem som kreves for å få en Bachelorgrad (se under).

Har du spørsmål (det har du sikkert!), så kontakt studieveileder Linda Malmberg (Bioteknologibygningen rom 3A.38, tlf. 8868) eller et av medlemmene i Studieutvalget for bioinformatikk. Vi vil hjelpe deg så godt vi kan.

## Studieplan for bioinformatikkstudiet

Studiet er et treårig BSc-program (Bachelorprogram), påbygd et toårig MSc-studium (Masterstudium).

Opptakskrav til BSc-studiet er generell studiekompetanse. BSc-studiet er bygd opp med nødvendige innføringskurs i matematikk, statistikk, kjemi og cellebiologi, mens fordypningsfagene er å finne innen informatikk, genetikk og molekylærbiologi.

Etter tre år kan du velge å avslutte studiet med en Bachelorgrad. Men hvis Bachelorstudiet gir mersmak, kan du søke opptak til det toårige Masterstudiet i bioinformatikk. For å kunne bli tatt opp til MSc-studiet stilles særkrav om at de valgfrie emnene i BSc-studiet er tatt enten innen matematikk, statistikk eller informatikk. I matematikk og statistikk er det en rekke relevante kurs å velge mellom ved NLH, mens i informatikk kan det bli nødvendig å spe på med kurs ved UiO (Universitetet ved Oslo).

Det er også mulig å bli tatt opp som student til MSc-studiet om du har relevant faglig bakgrunn fra andre studier ved Norges landbrukshøgskole, fra en annen høgskole eller et universitet.

### Bachelorstudiet

Den nye ordningen med Bachelor- og Masterstudium vil først bli gjennomført fullt ut fra 2003. NLH har ennå ikke avgjort hvordan Bachelorstudiet vil bli organisert. Dette vil bli klarlagt i løpet av høsten 2002. Det kan tenkes at det vil bli nødvendig med noen justeringer av planen nedenfor, som ble vedtatt sommeren 2002.

Fordypningsemnene for bioinformatikkstudiet utgjøres av emnene: IN100 Prinsipper i informasjonsbehandling, IN110 Innføring i programmering, IN130 Innføring i databaser, IN210 Objektorientert programmering, IN220 Algoritmer og datastrukturer, GN200 Generell genetikk, BIO 210/211 Molekylærbiologi og BIN210 Introduksjon i bioinformatikk.

BSc-studiet inneholder også emnene MA111 Matematisk analyse, MA112 Vektoranalyse, KJ100 Generell kjemi, STAT100 Statistikk, BIO100 Cellebiologi, KJ200 Biokjemi og STAT-IN240 Dataintensive statistiske metoder.

År/Sem.		Studiepoeng												
		3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	33	36	Sum
3.	Vår	BIO 210	BIO 210	BIO 210	BIO 211	BIO 211	BIN 210	BIN 210	S-IN 240	S-IN 240	S-IN 240	S-IN 240		33
	Høst	GN 200	GN 200	GN 200	GN 200	IN 220	IN 220							21
2.	Vår	STAT 100	STAT 100	IN 130	IN 130	IN 130	KJ 200	KJ 200	KJ 200	VT 102.	VT 102	VT 102. <sup>3</sup>		33
	Høst	STAT 100	STAT 100	IN 210	IN 210	IN 210	IN 210 <sup>1</sup>							18
1.	Vår	KJ 100	KJ 100	KJ 100	KJ 100	KJ 100	IN 110	IN 110	IN 110 <sup>2</sup>	MA 112	MA 112	MA 112		33
	Høst	MA 111	MA 111	MA 111	MA 111	IN 100	IN 100	BIO 100	BIO 100					24

<sup>1</sup> Forutsettes flyttet fra vår til høst, fra 2003.

<sup>2</sup> Forutsettes flyttet fra høst til vår, fra 2003.

<sup>3</sup> Ex phil er totalt 5 vektall, 3+2 (vår+sommer)

Øvrige emner for å nå 180 studiepoeng i BSc-studiet eller 120 studiepoeng i MSc-studiet forutsettes valgt innen NLH eller UiO sin emneportefølge. For NLH se:

<http://www.nlh.no/studieadministrasjonen/studiehandbok.htm>.

## Masterstudiet i bioinformatikk

Særkrav til opptak til MSc studiet vil bli gjort gjeldende tilsvarende studieplanen for BSc studiet, men i tillegg slik at valgfrie emner, for å fylle kravet om 180 studiepoeng, må tas innen matematikk, statistikk eller informatikk. I matematikk og statistikk er det en rekke relevante emner å velge mellom ved NLH, mens i informatikk kan det bli nødvendig å spe på med emner ved UiO.

Obligatoriske emner i MSc-studiet

BIN310 Bioinformatikk er hovedemnet i bioinformatikk. Det vil fokusere på sekvensanalyse og analyse av mikromatrisedata, og gis i fellesskap av Universitetet i Oslo (Ole Christian Lindgjærde, Institutt for informatikk) og NLH (Lars Snipen, Institutt for matematiske fag). Dessuten er BIN350 Genomanalyse, metodekurs og BIO350 Molekylær genomanalyse obligatoriske.

Du må videre velge to emner blant de følgende fire, alle på 10 studiepoeng:

- BIN300 Statistisk genomikk dreier seg om kobling og koblingsulikevektsanalyse for kartlegging av gener med effekt på kvantitative egenskaper.
- KJ310 Proteinkjemi og protein bioinformatikk består av en teori- og en datadel som begge fokuserer på forståelse og analyse av proteinenes struktur og funksjon.
- BIN320 Teoretisk regulatorisk biologi gir et innblikk i matematisk modellering av genregulatoriske og metabolske systemer.
- GN330 Populasjonsgenetikk og molekylær evolusjon er rettet mot dynamikken i de evolusjonære forandringene som skjer på molekylært nivå.

Dette betyr at emner i bioinformatikk tilsvarende 18 –20 studiepoeng vil være valgfrie i MSc-studiet og kan velges blant hovedfagskurs i øvrige MSc-studier ved NLH eller ved UiO. MSc-studiet avsluttes med en MSc-oppgave over ett år (60 studiepoeng). Som du ser av oversikten under, er det mange veiledere å velge mellom, med et vidt spekter av ulike interesser. Vær ikke redd for å ta kontakt med dem for nærmere orientering dersom du synes det de arbeider med ser interessant ut.

År/Sem.		Studiepoeng												Sum	
		3	6	9	12	15	18	21	24	27	30	33	36		
2.	Vår	MSc oppgave													30
	Høst	MSc oppgave													30
1.	Vår	BIN 310	BIN 310	BIN 310	BIN 300	BIN 300	BIN 300	BIN 320	BIN 320	BIN 320					1)
	Høst	BIO 350	BIO 350	BIO 350	BIN 350	BIN 350	GN 330	GN 330	GN 330	KJ 310	KJ 310	KJ 310	KJ 310		1)

<sup>1)</sup> Til sammen 30 studiepoeng BIN-emner, hvor BIN310, BIN350 og BIO350 er obligatoriske, og i tillegg to emner må velges blant BIN300, BIN320, KJ310 eller GN330.

## Studieutvalget i bioinformatikk

Foreløpig er studiet i bioinformatikk organisert som et studium under Studieretning for naturvitenskapelige fag. Studieretning for naturvitenskapelige fag har et eget studieutvalg ledet av Arne Tronsmo, Institutt for kjemi og bioteknologi og med Linda Malmberg (Bioteknologibygningen rom 3A.38, tlf. 8868) som studieveileder. Siden studiet i bioinformatikk er nytt, er det også oppnevnt et studieutvalg i bioinformatikk som tar seg av saker som gjelder bioinformatikken. Medlemmene av Studieutvalget i bioinformatikk er:

F.aman. Erik Plahte, Institutt for matematiske fag (leder)  
Rom 132 i TF-kvartalet, tlf. 8865, e-post [imfep@imf.nlh.no](mailto:imfep@imf.nlh.no).

Prof. Vincent Eijsink, Institutt for kjemi og bioteknologi  
Rom 3B.41 i Bioteknologibygningen, tlf. 9472, e-post [vincent.eijsink@ikb.nlh.no](mailto:vincent.eijsink@ikb.nlh.no).

Stipendiat Stein Erik Lid, Institutt for kjemi og bioteknologi  
Rom 2B.38 i Bioteknologibygningen, tlf. 9493, e-post [stein.lid@ikb.nlh.no](mailto:stein.lid@ikb.nlh.no).

Prof. Gunnar Klemetsdal, Institutt for husdyrfag  
Rom 133 i Husdyrbygninga, tlf. 8010, e-post [gunnar.klemetsdal@ihf.nlh.no](mailto:gunnar.klemetsdal@ihf.nlh.no).  
Han blir seinere erstattet av

F.aman. Theo Meuwissen, Institutt for husdyrfag  
Rom 331b i Husdyrbygninga, tlf. 8013, e-post [theo.meuwissen@ihf.nlh.no](mailto:theo.meuwissen@ihf.nlh.no).

Det skal også oppnevnes studentrepresentanter til studieutvalget.

## Aktuelle veiledere for MSc-oppgaven

Oversikten er ikke komplett.

### *Institutt for husdyrfag*

#### **Gunnar Klemetsdal**

Husdyrbygningen, rom 333, tlf. 8010.

E-post: [gunnar.klemetsdal@ihf.nlh.no](mailto:gunnar.klemetsdal@ihf.nlh.no).

Hjemmeside: <http://www.nlh.no/forskning/cigene/staff/Klemetsdal.html>.

Fagfelt: Mitt fagfelt er kvantitativ genetikk, og interessen er primært knyttet til hvordan en kan utnytte den nye kunnskapen om genomet i husdyravl.

**Sigbjørn Lien**

Kontoradresse: Husdyrbygningen, H-325, tlf. 8013.

E-post: sigbjorn.lien@ihf.nlh.no.

Fagfelt: Grunnleggende og anvendt molekylærgenetisk forskning innen husdyrbruk og akvakultur. Jeg leder en rekke spennende prosjekter for å bedre dyrehelse og fremme råvarekvalitet til animalske produkter. I arbeidet kombinerer vi data fra moderne genteknologiske metoder (DNA-sekvensering og mikromatriseteknologi for storskala genekspresjon- og mutasjonsanalyser) med unike data fra biobanker og helseregistre på husdyr og fisk i Norge. Målet er å forstå hvordan gener og deres produkter virker sammen og skaper karaktertrekk (fenotype) hos høyerestående organismer. Dette er kunnskap av stor verdi også for medisin og næringsliv i årene som kommer.

**Theo Meuwissen**

Husdyrinstituttet, rom 331b, tlf: 7974.

E-post : theo.meuwissen@ihf.nlh.no.

Fagfelt: My field is Bioinformatics, which contains all methods that translate genetic data into knowledge. With the advance of molecular genetic technologies, the amount of molecular genetic data has increased markedly during the last years and will increase even more dramatically in the years to come. High throughput data-mining and statistical methods will be needed to interpret this mind-boggling flow of genetic data. (Teksten er på engelsk siden Theo er utlending og ennå ikke helt stø i norsk.)

**Stig W. Omholt**

Norderås, tlf. 8021.

E-post: stig.omholt@ihf.nlh.no.

Fagfelt: Matematisk modellering av genregulatoriske og fysiologiske systemer, aldringsbiologi, sosial evolusjonsteori, og gjennomføring av det tverrfaglige forskningsprogrammet til Centre for Integrative Genetics ved NLH (se <http://www.nlh.no/forskning/CIGENE>).

**Tormod Ådnøy**

Husdyrinstituttet, rom H330, tlf. 7969.

E-post: Tormod.Adnoy@ihf.nlh.no.

Fagfelt: Statistikk. Avl. Sau og geitavl. Deteksjon av QTL (kvantitative egenskaper) i storfe. Forsøk med alfa-s1 kasein i geitmjølk.

***Institutt for kjemi og bioteknologi*****Vincent Eijsink**

Bioteknologibygningen, rom 3B.41, tlf: 9472.

E-post: vincent.eijsink@ikb.nlh.no.

Hjemmeside: [kitin.nlh.no/enzymgruppa](http://kitin.nlh.no/enzymgruppa).

Fagfelt: Vi er interessert i hvordan proteiner folder seg, hva slags strukturer de har, og hvordan vi kan forbedre proteiner (først og fremst enzymer) slik at de kan anvendes i industrielle prosesser. Vi bruker bioinformatikk til å analysere proteinsekvenser og til å modellere proteinstrukturer. Gjennom samarbeid med tunge utenlandske bioinformatikkmiljøer jobber vi også med avanserte beregninger på proteiner (f eks molekylær dynamikk og energiberegninger).

**Hilde-Gunn Opsahl Ferstad**

Bioteknologibygningen, rom 2B.41, tlf. 9488.

E-post: hilde-gunn.opsahl-ferstad.

Fagfelt: Forskningsfokuset i vår gruppe ved Genetikk/IKB er utviklingsbiologi, hvor vi identifiserer gener involvert i endospermutvikling (frøutvikling) og celleidentitet. Det innebærer både forward og reverse genetikk, genkloning, karakterisering av genene og leting etter genpartnere. Vi bruker standard molekylærbiologiske metoder (sekvensering, Blast, Southern, Northern, PCR, GMO) og har et bredt forskningssamarbeid med forskningsgrupper internasjonalt og nasjonalt, både universiteter og firma. Ny teknologi av spesiell interesse mot bioinformatikk blir mikromatrise transkripsjonsprofilering.

**Ragnar Flengsrud**

Bioteknologibygningen, rom 3B.30, tlf. 7710.

E-post: ragnar.flengsrud@ikb.nlh.no.

Fagfelt: Protein-kjemi, karbohydrat-kjemi, dvs. isolering og karakterisering. Protein og polysakkarider fra fiskeblod og annet "avfall". Proteiner fra byggfrø. Karakterisering av proteiner vha todimensjonal elektroforese, sekvensering og bioinformatikk (proteomics). Metodeutvikling innen proteinkjemi. Utvikling av bioteknologi/biokjemi på fisk til industri.

**Åsa Frostegård**

Bioteknologibygningen, rom 2B.32, tlf. 7754.

E-post: asa.frostegard@ikb.nlh.no.

Fagfelt: Mitt forskningsfelt er mikrobiell økologi. Mikrobiell aktivitet i jord har en avgjørende innflytelse på grunnvannskvalitet, og vi har arbeidet med mikrobefunnets funksjonelle og taksonomisk diversitet og evnen til å nedbryte forurensningsstoffer. Et annet interessefelt er spredning av genetisk modifiserte mikroorganismer og deres gener i naturen. For tiden arbeider vi med undersøkelser av faktorer som påvirker overføring av gener fra planter til mikroorganismer. Nye teknikker gjør det mulig å genmodifisere kloroplaster. På den måten unngår man spredning av genene via pollen, men kan tenkes å øke risikoen for genoverføring fra planten til plantepatogene bakterier.

**Leiv Sigve Håvarstein**

Bioteknologibygningen, rom 3B.37, tlf. 9464.

E-post: sigve.havarstein@ikb.nlh.no.

Fagfelt: Naturlig transformasjon, horisontal genoverføring mellom bakterier, kommunikasjon mellom bakterier ved hjelp av feromoner, antimikrobielle peptider og antibiotika, genomics og proteomics hos streptokokker.

**Ingolf F. Nes**

Meieribygningen, rom U93, tlf. 9471.

E-post: ingolf.nes@ikb.nlh.no.

Fagfelt: Arbeid med mikroorganismer, dvs. molekylærbiologiske/genetiske studier knyttet til bakterier. Vi er opptatt av å bekjempe bakterier som forårsaker sykdom ved å bruke antimikrobielle peptider. Produksjon, virkningsmekanisme og regulering av syntese av slike antimikrobielle peptider er viktige forskningsfelt. Videre arbeider vi med bakteriofager (bakterievirus), probiotiske (helsefremmende) bakterier og bakterier som finnes i jord og er viktige i omsetning av nitrogen. Vi studerer også hele bakteriegenomer ved bruk av DNA mikroarray teknologi.

**Odd Arne Rognli**

Bioteknologibygningen, rom 2B.42, tlf. 7688.

E-post: odd-arne.rognli@ikb.nlh.no.

Fagfelt: 1) Adaptasjon og genetisk variasjon i kulturplanter (gras og korn).

2) Plantebioteknologi, genspredning og økologisk risiko ved bruk av genmodifiserte planter.

3) Genkartlegging og kartlegging av QTL (kvantitative egenskaper).

***Institutt for matematiske fag*****Trygve Almøy**

TF-kvartalet, rom 111, tlf. 8867.

E-post: trygve.almoy@imf.nlh.no.

Fagfelt. Jeg arbeider med statistiske analyser av store datamengder. I slike situasjoner kan det være vanskelig å se hva som egentlig foregår, derfor er det utviklet metoder for å trekke ut maksimal informasjon. Dette er særdeles viktig i den kompliserte verden der bioinformatikken hører til.

**Erik Plahte**

TF-kvartalet, rom 132, tlf. 8865.

E-post: imfep@imf.nlh.no.

Hjemmeside: <http://arken.nlh.no/~imfep>.

Fagfelt: Matematisk modellering av cellebiologiske prosesser og fenomener, utvikling av matematiske metoder og rammeverk for å analysere og beskrive slike prosesser. Eksempler på problemstillinger: Hvordan reguleres aktiviteten til genene, hva er det som slår dem av og på? Hvordan forplantes et signal fra celle til celle? Hvordan dannes det mønstre og strukturer i en populasjon av identiske celler? Hvordan bestemmer genomet (DNA-molekylet) egenskapene til organismen? Jeg deltar i CIGENE-programmet (Centre for Integrative Genetics) med mange samarbeidspartnere både i Norge og andre land. Se <http://www.nlh.no/forskning/CIGENE>.

***Institutt for plantefag*****Åsmund Bjørnstad**

Tårnbygningen, rom 207, tlf. 76 85.

E-post: asmund.bjornstad@ipf.nlh.no.

Fagfelt: Planteforedling er ein anvendt genetikk, retta mot å studere og nytte genetisk variasjon i kulturplanter. Eg jobbar med analysere sjukdomsresistens ved hjelp av genmarkørar og multivariat statistikk (PLSR). Aktuelle prosjekt gjeld å motvirke danninga av soppgifter (mykotoksin) i kveite og havre. Dessutan er eg opptatt av genetisk mangfald i kulturplanter og korleis dette har utvikla seg og bør bli bevart.