

# **Bioinformatiikan kansainvälinen maisteriohjelma**

Toteutussuunnitelma matemaattis-luonnontieteelliselle  
tiedekunnalle

Samuel Kaski  
Tietojenkäsittelytieteen laitos, Helsingin yliopisto  
24.8. 2004

**Tiivistelmä.** Esitämme uuden bioinformatiikan maisteriohjelman perustamista yhdistämään alan hajanaista opetusta. Ohjelma keskittyy bioinformatiikan tietojenkäsittelyllisiin ja tilastomatemaaattisiin menetelmiin, joita hallitsevista henkilöistä on huutava pula. Karkean arvion mukaan yksin Helsingin bioalan tutkimusryhmät tarvitsisivat 100–200 bioinformaatikkoa. Ohjelma perustuu Helsingin yliopistossa ja Teknillisessä korkeakoulussa tehtävälle vahvalle alan tutkimukselle. Päävastuussa on Helsingin yliopiston matemaattis-luonnontieteellisen tiedekunnan (1) tietojenkäsittelytieteen laitos ja (2) matematiikan ja tilastotieteen laitos, ja Teknillisen korkeakoulun (3) informaatiotekniikan laboratorio. Menetelmät kytketään tiiviisti biologiin ja lääketieteelliseen tutkimukseen yhteistyössä mukana olevien näiden alojen laitosten kanssa. Helsingin yliopistosta ohjelmaan osallistuu kolme tiedekuntaa ja kaksi erillislaitosta. Ohjelman sisäänotto on Helsingin yliopistossa 20 ja Teknillisessä korkeakoulussa 7. Tutkinto on mahdollista suorittaa englannin kielellä, ja osa opiskelijoista valitaan kansainvälisestä hausta.

## Sisältö

<b>1</b>	<b>Tausta</b>	<b>3</b>
1.1	Maisteriohjelman tarve ja tavoitteet . . . . .	3
1.2	Hyödyt . . . . .	6
1.3	Suunnittelun periaatteet . . . . .	7
<b>2</b>	<b>Osallistujat</b>	<b>7</b>
<b>3</b>	<b>Hallinto</b>	<b>8</b>
3.1	Vastuu tutkinnoista . . . . .	8
3.2	Koordinointi . . . . .	8
3.3	Opiskelijavalinta . . . . .	9
3.4	Tulosten jako osallistuvien laitosten kesken . . . . .	9
3.5	Maisteriohjelman kehittäminen ja arviointi . . . . .	9
<b>4</b>	<b>Maisteriohjelman sisältö</b>	<b>10</b>
<b>5</b>	<b>Aikataulu</b>	<b>14</b>
<b>6</b>	<b>Kulut</b>	<b>14</b>

# 1 Tausta

## 1.1 Maisteriohjelman tarve ja tavoitteet

Bioinformatiikan laskennallisten ja tilastomatematiikkaisten menetelmien asiantuntemus on välttämätöntä nykyisessä lääketieteessä, bioteknologian ja biologian tutkimuksessa ja tuotekehityksessä. Syvälinen tilastotieteen, sovelletun matematiikan ja tietojenkäsittelytieteen (jatkossa: menetelmätieteet) hallinta on kilpailuvaltti. Bioinformatiikka on uusi ala, jolle tarvitaan maisteritason koulutusta. Kansainvälinen kehityssuunta viime aikoina on ollut käynnistää erityisiä bioinformatiikan maisteriohjelmiä; eurooppalaisiin ja amerikkalaisiin yliopistoihin niitä on perustettu kymmeniä. Kehityssuunta on tieteidenvälisyyden johdosta erittäin perusteltu, ja sitä on syytä seurata.

Alalla tarvitaan sekä menetelmien kehittäjiä että niiden soveltajia. Tuleville bioinformatiikan menetelmätutkijoille maisteriohjelma tarjoaisi entistä paremmin suunnatun astinlaudan tieteidenvälisiin jatko-opintoihin. Suurin murrostarve alan koulutuksessa seuraa kuitenkin menetelmien soveltajien tarpeesta. Nykyisessä biologian ja lääketieteiden tutkimuksessa on paljon tehtäviä, joissa tarvitaan menetelmätieteistä koulutusta mutta jotka eivät ole bioinformatiikan menetelmätieteisen perustutkimuksen kannalta riittävän haastavia. Maisteriohjelma tarjoaa ratkaisun ongelmaan: vaikka nämä soveltavat tehtävät eivät olisi riittävän haastavia perustutkijoille, ne olisivat erittäin sopivia ammattitöitä maistereille. He voisivat toimia esimerkiksi tutkimusryhmien data-analyttikoina ja laskenta-asiantuntijoina. Karkean arvion perusteella bioalan tutkimusryhmissä tarvittaisiin bioinformaatikoita noin 10-15% tutkijoista, ja yksin Helsingin seudulla tutkijoita on toista tuhatta. Bioinformaatikkojen tarve on siis noin 100–200, ja tarpeen odotetaan kasvavan tutkimusmenetelmien kehittämisen myötä.

Ideaalinen peruskoulutus sekä näitä maistereita että tulevia tutkijankoulutettavia varten olisi vankka menetelmätieteinen pohja, johon integroidaan huolella valittu kokonaisuus biologiaa ja lääketiedettä — kaikkeahan ei ehdi yhdessä tutkinnossa opiskella.

Maisteriohjelma voidaan toteuttaa kansainvälisestikin arvioiden erittäin korkeatasoisena. Helsingin seudulla tehdään erittäin vahvaa tutkimusta sekä menetelmätieteisessä bioinformatiikassa että kehittyneitä menetelmiä tarvitsevassa biologiassa ja lääketieteessä. Jo osallistuvissa menetelmätieteisissä laitoksissa toimii kolme Suomen Akatemian huippututkimusyksikköä, ja Helsingin yliopisto on ollut bioinformatiikan tutkimuksessa pioneeri 1980-luvun alusta lähtien. Opetusta alalla järjestetään jo nykyään, mutta ongelmana on ollut opetuksen hajanaisuus ja siitä seuraava päällekkäisyys ja näkyvyyden puute. Näkyvyys on tärkeää hyvien opiskelijoiden houkuttelemiseksi. Tiedotusta ja kurssien koordinoimista varten Helsingin yliopistoon on perustet-

tu tänä vuonna bioinformatiikan opetuksen ohjausryhmä, jonka puheenjohtajana on prof. Esko Ukkonen (tietojenkäsittelytieteen laitos). Ohjausryhmässä on päädytty esittämään maisteriohjelman käynnistämistä. Tämän suunnitelman laadintaan ovat osallistuneet puheenjohtajan lisäksi muut ohjausryhmän jäsenet, prof. Samuel Kaski (suunnitelman toimittaja, tietojenkäsittelytieteen laitos), prof. Elja Arjas (matematiikan ja tilastotieteen laitos), prof. Heikki Mannila (HIIT), yliopistonleht. Hannu Saarilahti (biotieteellinen tiedekunta, bio- ja ympäristötieteiden laitos), prof. Liisa Holm (biotieteellinen tiedekunta, bio- ja ympäristötieteiden laitos, ja biotekniikan instituutti) ja prof. Tomi Mäkelä (lääketieteellinen tiedekunta, kliinisteoreettinen laitos). Lisäksi mukana on ollut prof. Jaakko Hollmén (TKK, informaatiotekniikan laboratorio).

Maisteriohjelman ydin on Helsingin yliopiston matemaattis-luonnontieteellisessä tiedekunnassa. Sen menetelmätieteistä pohjaa vahvistaa yhteistyö Teknillisen korkeakoulun bioinformatiikan opetuksen ja HIIT:n bioinformatiikan data-analyysin tutkimusryhmien kanssa. Helsinki Institute for Information Technology (HIIT) on Helsingin yliopiston ja Teknillisen korkeakoulun yhteishankkeena muodostettu erillislaitos. Biologista ja lääketieteellistä substanssiosaamista saadaan mukana olevien muiden tiedekuntien yhteistyön kautta.

Lähes sama kokoonpano on ollut päävastuussa myös laskennallisen biologian ja bioinformatiikan tutkijakoulun (ComBi) toiminnasta. ComBi on toiminut jo yli kuusi vuotta ja tarjoaa jatkokoulutuskanavan osalle maisteriohjelmasta valmistuvista.

Maisteriohjelma noudattaa Helsingin yliopiston konsistorin asettamia maisteriohjelmien periaatteita:<sup>1</sup> Ohjelma perustuu tieteenalan ja yhteiskunnan koulutustarpeisiin ja tiedekunnan strategiaan tavoitteisiin. Matemaattis-luonnontieteellisen tiedekunnan strategiassa<sup>2</sup> data-analyysi ja bioinformatiikka ovat strategisia painoaloja. Maisteriohjelmaa perustetaan ensisijaisesti aloille, joiden jatkuvuus tutkimuksen ja opetuksen näkökulmasta on taattu. Osallistuvien laitosten kiinnostusta osoittaa, että ne ovat jo itse resursoineet bioinformatiikkaa jonkin verran (TKTL: kolme neljäsosaa lehtoraattia, suuri osuus määräaikaista professuuria ja pieni osuus kahden muun professorin työstä; mat/tilastot: puoli lehtoraattia ja osa laitoksen kahden professorin työstä).

Opetusministeriön maisteriohjelmaselvityksessä<sup>3</sup> korostetaan maisteriohjelmien rakentumista riittävän vahvan tutkimusperustan ja yliopiston osaamisen varaan. Tässä tapauksessa tutkimusperustan vahvuus ei jätä tulkinnanvaraa maailmanlaajuisestikaan mitattuna. Lisäksi korostetaan koulutustarpeiden pitkäjänteisyyttä; myös

---

<sup>1</sup>Konsistorin päätös 9.6. 2004.

<sup>2</sup>Helsingin yliopiston matemaattis-luonnontieteellisen tiedekunnan strategia 2004–2006, päivätty 3.9.2003

<sup>3</sup>Jaana Puukka, Vakinaistaa vai ei? Opetusministeriön selvitys rakennerahastovaroin toteutetuista maisteriohjelmista. Opetusministeriön työryhmämuistioita ja selvityksiä 2004:18.

opetusministeriön korkeakoulutuksen laadunvarmistusta koskevassa muistiossa<sup>4</sup> korostetaan koulutustarvetta ja työelämäyhteyksiä. Nämäkin vaatimukset toteutuvat bioinformatiikassa. Menetelmätieteitä syvällisesti hallitsevien maisterien tarve on pitkäaikaisempi kuin bioteknologiayritysten rahoitusnäkymien tuottamat heilahtelut.

Maisteriohjelma palvelee Helsingin yliopiston strategisia kehittämiskohteita: perustutkimuksen aseman vahvistamista (sekä osallistuvat aine- että erillislaitokset, joille koulutetaan tutkijoita), tutkimuslähtöinen opetus (tutkijat opettavat ja opiskelijat pääsevät tekemään opinnäytetyönsä korkeatasoisissa tutkimusryhmissä), rajat ylittävän yhteistyön lisääminen (sisäänrakennettuna hankkeessa) ja kotikansainvälistyminen (koulutetaan ulkomaisia opiskelijoita Suomessa, tutkimusryhmien ulkomaiset post doc-tutkijat osallistuvat opetukseen ja suurin osa kursseista pidetään englanniksi). Tieto- ja viestintäteknikkaa hyödynnetään luonnollisesti osana kaikkea opetusta.

Konsistorin hyväksymät maisteriohjelmien periaatteet ja opetusministeriön muistiot käsittelevät lisäksi toteutuksen yksityiskohtia. Ne on huomioitu toteutussuunnitelmassa.

Matemaattis-luonnontieteellinen tiedekunta kuuluu jo nyt eräänlaisena liitännäisjäsenenä biotieteellisen tiedekunnan, biotekniikan instituutin, neurotieteen keskuksen, maatalous-metsätieteellisen tiedekunnan ja Teknillisen korkeakoulun vetämään Helsingin seudun bioteknologian koulutusohjelmaan (HEBIOT). HEBIOT on aihepiireiltään hyvin laaja ja bioinformatiikkaa siinä on vain pieni biologiavetoinen osa, johon matemaattis-luonnontieteellinen tiedekunta tarjoaa kursseja. HEBIOT:n opiskelijat eivät voi valmistua matemaattis-luonnontieteellisestä tiedekunnasta, joten uusi menetelmätieteinen bioinformatiikan ohjelma ei olisi päällekkäinen opiskelijapohjaltaan eikä tavoitteiltaan. Päinvastoin ohjelmat täydentäisivät ja vahvistaisivat toisiaan.

Teknillisessä korkeakoulussa on käynnistetty v. 2003 uusi bioinformaatioteknologian koulutusohjelma, joka sisältää laajan kirjon pääaineita lääketieteellisestä tekniikasta ja kieliteknologiasta mikro- ja nanosysteemeihin. Varsinaista bioinformatiikkaa osallistujista tarjoaa vain informaatiotekniikan laboratorio; muilta osin Helsingin yliopiston koordinoima menetelmätieteelliseen bioinformatiikkaan keskittyvä uusi maisteriohjelma olisi täydentävä eikä kilpaileva hanke. Informaatiotekniikan laboratorion osallistuminen tähän uuteen ohjelmaan vahvistaa siis yhteistyön kautta Teknillisen korkeakoulun bioinformatiikkaopetusta, ja laboratorion opetus puolestaan vahvistaa maisteriohjelmaa.

Esitettävän maisteriohjelman vahvuutena on, että se kokoaa kattavan joukon Helsingin seudun laitoksia, jotka tekevät tutkimusta molekyylibiologian tason bioinfor-

---

<sup>4</sup>Korkeakoulutuksen laadunvarmistus. Opetusministeriön työryhmämuistioita ja selvityksiä 2004:6.

matiikan menetelmistä. Ala on riittävän laaja ja ajankohtainen jotta koulutukselle on voimakas tarve, mutta toisaalta riittävän kapea jotta opetuksessa on synergiaetuja. Maisteriohjelma olisi optimaalista toteuttaa nyt tutkinnonuudistuksen yhteydessä, jolloin opiskelijoiden kandidaattivaiheen jälkeinen liikkuvuus lisääntyy, ja on mahdollista saada aikaan joustavuutta sekä sisäänottoon että opetusyhteistyöhön.

Tavoitteena on kouluttaa korkeatasoisia menetelmätieteisen bioinformatiikan ammattilaisia työskentelemään bio- ja lääketieteellisessä tutkimuksessa ja tuotekehityksessä. Osa jatkaa menetelmätieteisen bioinformatiikan jatko-opinnoilla. Tavoite saavutetaan seuraavilla konkreettisilla osatavoitteilla:

1. Ydinaineskursseiden perustaminen ja pysyvä tarjonta. Helsingin yliopistoon on perustettu lukuvuodeksi 2004–2005 alustavat versiot muutamasta keskeisestä ydinaineskursista. Tällä hetkellä useita kursseja opettavat väliaikaisesti projektitutkijat tai virkatyönään henkilöt jotka eivät voi sitoutua kattavaan kurssisivalikoiman kehittämiseen. Kurssit halutaan vakiinnuttaa, ja kehittää tarjontaa edelleen yhteistyössä TKK:n bioinformatiikan opetuksen kanssa.
2. Menetelmätieteilijöille tarjolla olevien biologisten ja lääketieteellisten kurssikokonaisuuksien kehittäminen ja vakiinnuttaminen. Perustetaan erityinen opetuslaboratorio, jossa voidaan järjestää uudentyyppistä pienryhmäopetusta. Tieteidenvälisissä kursseissa yhdistetään biologinen tai lääketieteellinen märkälaboratorio-osuus data-analyysiosuuteen.
3. Eri alojen tutkimusryhmien pitämien erikoiskurssien koordinointi ja alojen välisen yhteisen tutkimuslähtöisen opetuksen edistäminen.
4. Opetuksen ja opiskelijarekrytoinnin kansainvälistäminen. Sekä osallistuvien yliopistojen omia että kehitteillä olevan Helsinki Research Area-hankkeen infrastruktuuria hyödynnetään rekrytoinnissa ja opiskelijoiden opastuksessa.

## 1.2 Hyödyt

Maisteriohjelma tekisi opetuksen rakenteen selkeäksi ja johdonmukaiseksi, poistaisi päällekkäisyyksiä, ja lisäämällä alan näkyvyyttä houkuttelisi työvoimapulasta kärsivälle alalle lisää hyviä opiskelijoita. Lisäksi alan vahvojen tutkimusryhmien luoma huomattava potentiaali saataisiin hyödynnetyksi.

Alan kansainvälinen hyvin perusteltu kehityssuunta on hoitaa koulutustarve erityisillä maisteriohjelmilla; Suomesta menetelmätieteisen bioinformatiikan maisteriohjelma on toistaiseksi puuttunut kokonaan. Nyt tutkinnonuudistuksen yhteydessä, kun kandidaattivaiheen liikkuvuuden odotetaan helpottuvan, olisi hyvä tilaisuus perustaa ohjelma.

Koulutettavien maisterien profiili eroaisi nykyisistä muista menetelmätieteiden maistereista siten, että samaan tutkintoon sovitetaan sekä tiivis ja kattava kurssipaketti bioinformatiikan menetelmien ydinaineksesta, että siihen sovitettu biologisen ja lääketieteellisen perustiedon kurssikori. Bioinformatiikkaan erikoistuvista biologian maistereista he eroaisivat menetelmätieteelliseltä peruskoulutukseltaan, joka mahdollistaa tiiviimmän ja pidemmälle menevän bioinformatiikan menetelmien opiskelun.

Edellisessä luvussa listatut neljä osatavoitetta tuottaisivat suoria hyötyjä opiskelijoille. Osallistuvat biologian ja lääketieteen laitokset puolestaan pääsisivät suunnittelemaan koulutusta tälle joukolle, jota tarvitaan biologisessa ja lääketieteessä tutkimuksessa ja tuotekehityksessä, ja osallistuvat tutkimusryhmät saisivat etulyöntiaseman voidessaan rekrytoida opiskelijoita jo opinnäytetyövaiheessa.

### 1.3 Suunnittelun periaatteet

Maisteriohjelma on menetelmätieteinen (tietojenkäsittelytiede, tilastotiede ja sovellettu matematiikka), ja sen tavoitteena on kouluttaa modernien bioinformatiikan menetelmien asiantuntijoita, sekä jatkokoulutuksen jälkeen tulevia menetelmäkehittäjiä.

Koska ala on nopeasti kehittyvä, panostetaan koulutuksen yleisyyteen. Valinnaisuuden määrä pidetään suurena ydinkurssien jälkeen.

Uusi maisteriohjelma ei vaikuttaisi tiedekuntien muihin tutkintoihin.

Tämä paperi sisältää maisteriohjelman toteutussuunnitelman. Rahoitusta haetaan erikseen.

## 2 Osallistujat

Mukana olisi kaksi yliopistoa: Helsingin yliopistosta 3 tiedekuntaa (matemaattis-luonnontieteellinen tiedekunta päävastuussa) ja yksi erillislaitos, ja Teknillisestä korkeakoulusta yksi laboratorio. Lisäksi mukana on yksi näiden yhteinen erillislaitos. Kaikki listatut ovat alustavasti ilmaisseet olevansa mukana.

Osallistujat ovat

- HY, tietojenkäsittelytieteen laitos (koordinaattori): Samuel Kaski, Esko Ukkonen, Hannu Toivonen
- HY, matematiikan ja tilastotieteen laitos: Elja Arjas, Mats Gyllenberg

- TKK, informaatiotekniikan laboratorio: Olli Simula, Jaakko Hollmén ja N.N. (täytettävänä oleva bioinformatiikan professuuri)
- Helsinki Institute for Information Technology (HIIT): Heikki Mannila (HIIT:n antama opetus koordinoidaan HY:n ja TKK:n ainelaitosten kautta)
- HY, biotieteiden tiedekunta ja biotekniikan instituutti: Liisa Holm
- HY, lääketieteellinen tiedekunta: Tomi Mäkelä

Ohjelman päävastuuyksiköt ovat HY:n (1) tietojenkäsittelytieteen laitos ja (2) matematiikan ja tilastotieteen laitos, sekä TKK:n (3) informaatiotekniikan laboratorio. Muut osallistuvat ohjelman suunnitteluun ja opetuksen järjestämiseen. Erillislaitosten tutkijat järjestävät erikseen sovittavia ohjelmaan sopivia kursseja, ja osallistuvat tutkimusryhmissään opinnäytetöitä tekevien maisteriohjelman opiskelijoiden ohjaukseen.

Vastuuhenkilönä toimii prof. Samuel Kaski.

## 3 Hallinto

### 3.1 Vastuu tutkinnoista

Konsistorin päätöksen mukaisesti tutkinnon myöntävä tiedekunta vastaa maisteriohjelman laadusta, osallistuu sen suunnitteluun, vahvistaa opetussuunnitelman, päättää opiskelijavalinnan perusteista, hakukelpoisuudesta ja opinto-oikeuksien myöntämisestä, ja myöntää tutkintotodistuksen.

Tässä maisteriohjelmassa tutkintoja myöntävät matemaattis-luonnontieteellinen tiedekunta (HY:n opiskelijat) ja teknillisen korkeakoulun tietotekniikan osasto (TKK:n opiskelijat).

### 3.2 Koordinointi

Maisteriohjelman suunnittelusta vastaa nykyinen bioinformatiikan opetuksen ohjausryhmä, täydennettynä tarpeen mukaan uusien osallistuvien laitosten edustajilla. Ohjausryhmä huolehtii opetussuunnitelman ja opiskelijavalinnan valmistelusta tiedekuntaa varten. Käytännön valmistelua varten ohjausryhmä perustaa tarvittaessa erillisen valmisteluryhmän, tai käyttää maisteriohjelmalle palkattavia koordinaattoreita.



### 3.3 Opiskelijavalinta

Konsistorin päätöksen mukaisesti maisteriohjelmaan osallistuvilta edellytetään soveltuvaa alempaa korkeakoulututkintoa tai sitä tasoltaan vastaavaa koulutusta. Esi-tettävässä ohjelmassa hakijoiden alempaan tutkintoon vaaditaan vähintään cum laude-opintojen verran menetelmätieteitä tai vastaavat tiedot.

Toinen menetelmätieteellinen sivuaine tai soveltuva biologinen tai lääketieteellinen sivuaine katsotaan eduksi. Jos menetelmätieteinen sivuaine puuttuu, sen voi suorittaa täydentävinä opintoina. Kandidaattivaiheessa suoritettulla soveltuvalla biologisella tai lääketieteellisellä kurssikokonaisuudella voi korvata maisteriohjelman biologisia ja lääketieteellisiä opintoja, jolloin maisteriopintoihin voi sisällyttää menetelmätieteisiä opintoja sivuaineena.

Tietojenkäsittelytieteen, matematiikan, tilastotieteen, ja tietotekniikan kandidaat-tien lisäksi siis mm. myös menetelmätieteisesti suuntautuneet biologit ja fyysikot voivat hakeutua ohjelmaan.

Oppilasvalinta järjestetään aiemman tutkinnon ja tarvittaessa järjestettävän taso-kokeen perusteella. Valinnassa painotetaan menetelmätieteiden (matematiikka, ti-lastotiede ja tietojenkäsittelytiede) opintojen määrää ja arvosanoja. Toisen mene-telmätieteen, biologian tai lääketieteen sivuaineopinnot katsotaan eduksi.

Sisäänotto on alustavasti HY:lle maksimissaan 20 opiskelijaa vuosittain, ja TKK:lle maksimissaan 7. Näistä osa valitaan kansainvälisen haun perusteella.

### 3.4 Tulosten jako osallistuvien laitosten kesken

Tutkielmapisteeet jaetaan niissä tapauksissa, joissa tutkielmaa ohjataan laitosten yh-teistyönä. On odotettavissa että pääosa tutkielmista ohjataan yhteistyönä.

Opintoviikkopisteet jaetaan opetuksen järjestäneiden laitosten kesken Helsingin yli-opiston sisällä normaalien käytäntöjen mukaisesti. Teknillisen korkeakoulun ja Hel-singin yliopiston välisistä korvauksista sovitaan HEBIOT-ohjelman sopimuksen mal-lin mukaisesti: HY hallinnoi erityisrahoitusta ja TKK:n osuudesta sovitaan erikseen.

### 3.5 Maisteriohjelman kehittäminen ja arviointi

Ohjelmaa seurattaessa ja kehitettäessä tullaan käyttämään matemaattis-luonnontieteellisessä tiedekunnassa ja Teknillisessä korkeakoulussa kehitettäviä laa-dunvalvontajärjestelmiä. Matemaattis-luonnontieteellisellä tiedekunnalla on käyn-nissä useita tiedekunnanlaajuisia opetuksen kehittämishankkeita. Kehitetään mm. yhteisiä systemaattisia käytäntöjä opetuksen laadun arvioimiseksi opiskelijapalaut-

teen ja oppimistulosten arvioinnin perusteella. Lisäksi kehitetään opiskelijoiden ohjausta ja opiskelun seuranta.

Laitoksilla jo käytössä olevia kurssipalautejärjestelmiä käytetään maisteriohjelman kursseilla. Useilla laitoksista kerätään järjestelmällisesti palaute sähköisessä muodossa. Lisäksi opiskelijoille järjestetään lukuvuosittain keskustelutilaisuus. Palaute käsitellään laitosten normaalien käytäntöjen lisäksi ohjausryhmässä.

Ohjelman suhteellisen pieni koko mahdollistaa lisäksi nopean reagoinnin spontaaniinkin palautteeseen.

**Toimintasuunnitelma mahdollisen lisärahoituksen loppumisen jälkeen.** Osallistuvat laitokset ovat jo nyt sitoutuneet bioinformatiikan opetukseen ja tutkimukseen. Maisteriohjelman myöhempi integrointi laitosten normaaliin toimintaan ei siis tuota ongelmia. Päätös jatkotoiminnan laajuudesta tehdään ohjelman arvioinnin yhteydessä keväällä 2008.

Maisteriohjelman erityisrahoituksella saataisiin koordinoitua opetusta ja poistettua hajanaisuutta, ja lisäksi tuotettua uusi sukupolvi projektitutkijoita opettamaan hallalla kursseilla. Säästyvillä resursseilla ja tuotettujen maisterien tulospisteillä saataisiin ylläpidettyä nykyistä selkeästi parempaa opetustarjontaa.

Mikäli ohjelma päätetään lopettaa, vastuut jakautuvat osallistuville laitoksille niille maisteriohjelmassa tehtävien tutkielmien määrien suhteessa.

## 4 Maisteriohjelman sisältö

Kurssien opintopistemäärät tarkentuvat talven mittaan. Kurssien perään on merkitty ovatko ne lukuvuonna 2004–2005 bioinformatiikan opetusta kehitettäessä perustettuja kursseja (2004) tai maisteriohjelmaa varten suunniteltuja uusia kursseja (uusi).

Vastuulaitokset on merkitty seuraavasti: TKTL = tietojenkäsittelytieteen laitos, MT = matematiikan ja tilastotieteen laitos, BI = biotekniikan instituutti, BT = bio- ja ympäristötieteen laitos, LT = lääketieteellinen tiedekunta, TKK = teknillinen korkeakoulu.

Maisteriohjelmasta valmistuneet saavat jatko-opintokelpoisuuden tilastotieteessä, sovelletussa matematiikassa ja tietojenkäsittelytieteessä (Helsingin yliopistosta valmistuvat) tai tietotekniikassa (Teknillisestä korkeakoulusta valmistuvat).

Kurssien järjestämistä yhteistyössä menetelmätieteisten ja biologisten tai lääketieteellisten laitosten välillä suositaan. Lisäksi kursseihin sisältyviä harjoitustöitä suun-

nitellaan ja ohjataan yhteistyössä.

## Maisterin tutkinto (120op)

Opintopistemäärät tarkentuvat Bologna-prosessin mukaisen suunnittelun myötä.

Syventävät opinnot	80op
Pakollisia kursseja	20op
Vapaavalintaisia menetelmätieteiden kursseja	20op
Tutkielma	40op
Biologisia ja lääketieteellisiä opintoja	30op
Muita opintoja	10op

### Syventävien opintojen pakolliset kurssit

Näistä vähintään 20 op:

Bioinformatiikan perusteet (TKTL)	5op
Geeniekspressiodatan analyysi (TKTL, BT, BI, MT; 2004)	5–7op
Geenisekvenssianalyysi (MT, 2004)	5op
Laskennallinen systeemibiologia (TKTL, BT, BI; 2004)	5op
Geenikartoitus (MT, 2004)	5–7op
Biosignaalianalyysi (TKK, uusi)	5op
Proteomiikka (uusi)	5op
Metabolomiikka (uusi)	5op

### Syventävien opintojen vapaavalintaiset menetelmätieteiden kurssit

Seuraavalta listalta valitaan perusteltu kokonaisuus, joko yhden osa-alueen sisältä tai laaja-alaisemmin. Näiden kurssien lisäksi voi valita vaihtuva-alaisia erikoiskursseja, joita järjestetään useita vuosittain.

#### *Algoritmit*

Algoritmien suunnittelu (TKTL) 4op  
Kombinatorinen optimointi (TKTL) 8ov  
Approksimointialgoritmit (TKTL) 4op

#### *Tiedon louhinta ja laskennallinen data-analyysi*

Tiedon louhinnan menetelmät (TKTL) 6op  
Tiedon louhinnan erikoiskurssi (TKTL) 4–6ov  
Geenitiedon louhinta (TKTL; uusi) 6op

### *Koneoppiminen ja signaalinkäsittely*

Koneoppiminen (TKTL) 6op

Tai: oppivat mallit ja menetelmät (TKK) 5op

Signaalin tilastollinen mallinnus (TKK) 5op

Hahmontunnistuksen perusteet (TKK) 4op

3 käsitettä: todennäköisyys, informaatio, päätöksenteko (HY) 5–15op

### *Informaatiojärjestelmät*

Tietokannan suunnittelu (TKTL) 4op

Transaktioiden hallinta (TKTL) 4op

Hajautetut tietokannat (TKTL) 4op

Tietovarastot (TKTL) 4op

### *Tilastollinen mallitus*

Johdatus Bayes-päätelyyn (MT) 5op

Hierarkkiset Bayes-mallit (MT) 5–7op

Graafiset tilastolliset mallit ja kausaalipäätely (MT) 5–7op

Laskentaintensiiviset tilastolliset menetelmät (MT) 7op

Merkkigeeniaineistojen ryhmittely ja luokittelu (MT 2004), 5–7op

## **Seminaarit**

Tutkintoon suositellaan sisältyvän kaksi seminaaria. Vähintään toisen on syytä olla bioinformatiikka-aiheinen, toinen voi olla tavallinen menetelmiin keskittyvä seminaari. Bioinformatiikkaseminaareja järjestetään maisteriohjelmaa varten biologisten, lääketieteellisten ja menetelmätieteisten tutkimusryhmien välisenä yhteistyönä. Lisäksi osalistuvat tutkimusryhmät järjestävät seminaareja omista tutkimusaiheistaan.

## **Biologisia ja lääketieteellisiä opintoja**

Opinnoissa sallitaan vapautta henkilökohtaisen opintosuunnitelman perusteella. Opiskelijoille suositellaan kuitenkin seuraavaa, maisteriohjelmaa varten koottua kurssipakettia.

### *Kaikille yhteiset kurssit:*

(Seuraavia kursseja yhdistetään niin, että kokonaislaajuudeksi tulee 7op:)

Solu- ja molekyylibiologian perusteet (LT, uusi) 4op

Genomiikkaa menetelmätieteilijöille (MT, 2004) 5+3op

Genomit (BT) 3op

*Vähintään yksi seuraavista, suunnitellussa opetuslaboratoriossa järjestettävistä kursseista:*

Molekyyli-genetiikkaa ja geenikartoitusta menetelmätieteilijöille (TKTL, 2004) 7op  
Käytännön laboratoriokurssi menetelmätieteilijöille (BT, BI, TKTL/MT) 7op  
Genominlaajuiset kokeelliset lähestymistavat (LT, TKTL/MT) 7op

*Valitaan toinen seuraavista kurssikokonaisuuksista:*

Biolääketiedettä bioinformaatioille:  
Lääketieteellinen genetiikka (LT, uusi) 4op  
Signaalitransduktio (LT, uusi) 4op  
Kokeellinen systeemibiologia (LT, uusi) 2op

Geneettinen bioinformatiikka:  
Geneettinen bioinformatiikka (BT) 3op  
Geeniekspressio ja molekyylibiologia (BT) 3op  
Genomeista geenien toimintaan (BT) 6op

*Muista soveltuvista kursseista 30 op täyteen:*

Tarjolla on mm. tutkimusryhmien pitämiä erikoiskursseja ja  
Molekyyli-evoluution mallit ja fylogeneettinen päättely (MT) 5+3op

## **Työharjoittelu**

Vapaavalintaisia opintoja voi korvata osittain projektityöllä tieteellisessä tutkimusryhmässä. Työstä kirjoitetaan raportti.

Työharjoittelujakso max 7op

## **Tutkielma**

Tutkielma tehdään jalkautumalla tutkimusryhmiin, ja ohjataan tieteidenvälisenä yhteisohjauksena: toinen ohjaaja biologisesta tai lääketieteellisestä tutkimusryhmästä ja toinen menetelmätiedelaitokselta.

## **Muita opintoja**

Johdatus bioinformatiikkaan (uusi, johdantojakso maisteriohjelmaan) 2op

Vapaavalintaisia opintoja, ja Bologna-prosessin mukaisen suunnittelun myötä tarkentuva määrä kaikille maistereille yhteisiä yleisopintoja: 8op

## 5 Aikataulu

- Syksy 2004: Hanke-esityksen käsittely
- Kevät 2005: Ensimmäinen opiskelijavalinta (kansallinen; vasta toinen opiskelijavalinta on aikatauluongelmista johtuen kansainvälinen)
- Syksy 2005: Ensimmäinen opiskelijavuosikurssi aloittaa
- 2005–2009 (4 lukuvuotta): Ohjelman koeaika
- Kevät 2008: Ohjelman arviointi ja päätös jatkosta

## 6 Kulut

Koulutusohjelman odotetaan käynnistyvän täydellä teholla alusta lukien, koska nykyiset kandidaattitasoiset opiskelijat voivat hakea ohjelmaan. Kokonaisvuosikustannus on seuraava (tarvittava uusi rahoitus on merkitty *kursiivilla*, loppu on laitosten jo investoimaa omavastuuosuutta).

Lyhenteiden selitykset:

TKTL: tietojenkäsittelytieteen laitos

MT: matematiikan ja tilastotieteen laitos

BT: bio- ja ympäristötieteen laitos

BI: biotekniikan instituutti

LT: lääketieteellinen tiedekunta

## HY

### TKTL:

yhteensä noin yksi professori	70000e
kolme neljänestä lehtorista	38000e
<i>opettaja, joka koordinoi; pääkoordinaattori</i>	<i>50000e</i>
<i>opettaja</i>	<i>50000e</i>

### MT:

puoli professoria	35000e
puoli lehtoria	25000e
<i>opettaja, joka myös koordinoi MT:n osalta</i>	<i>50000e</i>
<i>opettaja</i>	<i>50000e</i>

### Tilat:<sup>5</sup>

Laitteet:	25000e
Kirjastot: <sup>6</sup>	3000e
Opintoneuvonta, systeemituki yms.	10000e
Opiskelijoiden osallistuminen muille olemassaoleville kursseille: <sup>7</sup>	27000e

### BT/BI:

puoli professoria	35000e
puoli lehtoria	25000e
Laitteet, tilat yms.	15000e

### LT:

puoli lehtoria (suunnitteilla)	25000e
Laitteet, tilat yms.	10000e

*BT:n, BI:n ja LT:n ohjelmaa varten tuottamien kurssien hinta* 80000e

### *Opetuslaboratorio:*

<i>materiaalit<sup>8</sup></i>	<i>13000e</i>
<i>vastuopettaja suunnittelemaan ja toteuttamaan opetus</i>	<i>50000e</i>
<i>opiskelijoiden henkilökohtainen ohjaus<sup>9</sup></i>	<i>20000e</i>
<i>apuhenkilökunta, välinehuolto jne.</i>	<i>4000e</i>
<i>laitteet<sup>10</sup></i>	<i>9000e</i>
<i>vuokra</i>	<i>4000e</i>

---

**HY yhteensä: 771000e**

<sup>5</sup>Tilakulut/opiskelija on arvioitu karkeasti: TKTL:n vuoden 2003 vuokratulut jaettuna johonkin opetustapahtumaan osallistuneiden pääaineopiskelijoiden määrällä, 930074e/1452. Maisteriohjelmissa sisällä HY:ssä on ensimmäisen vuoden jälkeen 20\*2 opiskelijaa. Opettajan tilakulut n. 2500e/vuosi.

<sup>6</sup>TKTL:n vuoden 2003 kirjastokulut/rekisteröityneet opiskelijat kertaa maisteriohjelman opiskelijoiden määrä: 122885e/1452\*20\*2.

<sup>7</sup>Arvioidaan kustannus JOO-opintoviikon hinnan 67e mukaan, noin 20 ov.

<b>TKK</b>	
kaksi kolmasosaa professoria	47000e
muu omavastuuosuus <sup>11</sup>	40000e
<i>opettaja, joka myös koordinoi TKK:n osalta</i>	<i>50000e</i>
<i>Uudentyyppisen opetuksen vaatimat resurssit, ml. osuudet opetuslaboratorion kustannuksista</i>	<i>36000e</i>
<b>TKK yhteensä:</b>	<b>173000e</b>
<b>Kaikki yhteensä:</b>	<b>944000e/vuosi</b>

Yhteenvedona tiedekuntien omavastuuosuudet ovat:

HY	391000e
TKK	87000e
<b>Yhteensä</b>	<b>478000e/vuosi</b>

Rahoitettavaksi jää

HY	380000e
TKK	86000e
<b>Yhteensä</b>	<b>466000e/vuosi</b>

Tämä lisärahasumma tarvitaan käynnistämävaiheen erityistarpeisiin. Kokeiluvaiheen jälkeen selvitetään pienemmällä suunnittelukustannuksilla, ja loput kustannuksista katetaan tiedekuntien osuuksien lievällä kasvattamisella, alalla koulutuksen johdosta kasvaneen dosentti- ja projektitutkijajoukon antamalla halvalla opetuksella ja ulkopuolisella rahoituksella.

Tarvittava lisärahoitus jakautuu koejakson ajalle seuraavasti:

	2005	2006	2007	2008	2009
HY	190000e	380000e	380000e	380000e	190000e
TKK	43000e	86000e	86000e	86000e	43000e
Yhteensä:	233000e	466000e	466000e	466000e	233000e

**Kokonaisbudjetti yhteensä 5 kalenterivuoden (4 lukuvuoden) aikana on 3.776.000e (HY: 3.084.000e, TKK: 692.000e), josta tiedekuntien omavastuuosuus on 1.912.000e (HY: 1.564.000e, TKK: 348.000e) ja tarvittava lisärahoitus on 1.864.000e (HY: 1.520.000e, TKK: 344.000e).**

<sup>8</sup>DNA-sirut reagensseineen noin 1000e/opiskelija; oletetaan että puolet suorittavat sirukurssin ja loput halvemman.

<sup>9</sup>Arvioitu JOO-opintoviikon hinnan 67e mukaan olettaen että opetusryhmän koko on noin neljännes tavallisesta luento-opetuksesta, ja vastuopettaja on yksi ohjaajista. Noin 5ov kurssi.

<sup>10</sup>Jo yksi PCR-laite maksaa noin 10000e. Opetuslaboratorio toteutetaan maksamalla osuus laitteista, jotka on hankittu yhteiskäyttöisiksi.

<sup>11</sup>Arvioitu HY:n kustannuksista opiskelijamäärien suhteessa.