

<b>Studiengang:</b>	Bachelor Bioinformatik
<b>Modulbezeichnung:</b>	<b>Bachelorstudiengang Bioinformatik</b>
<b>ggf. Kürzel:</b>	<b>Ringvorlesung: Einführung in die Bioinformatik</b>
<b>ggf. Untertitel:</b>	<b>BI-B-1</b>
<b>ggf. Lehrveranstaltungen:</b>	
<b>Semester:</b>	1.Semester
<b>Angebotsturnus:</b>	Jährlich im Wintersemester
<b>Modulverantwortliche(r):</b>	Studiendekan/in der Bioinformatik
<b>Dozent(in):</b>	Studiendekan/in der Bioinformatik, Bioinformatik-Lehrende
<b>Sprache:</b>	Deutsch, im Einzelfall Englisch
<b>Zuordnung zum Curriculum:</b>	
<b>Lehrform / SWS:</b>	Wahlpflichtmodulelement der Kategorie „Vorlesungen der Bioinformatik“ Vorlesung 2 SWS
<b>Arbeitsaufwand:</b>	90 h = 30 h Präsenz- und 60 h Eigenstudium und Abfassung der Protokolle
<b>Kreditpunkte:</b>	3
<b>Voraussetzungen:</b>	
<b>Lernziele / Kompetenzen:</b>	Diese Veranstaltung soll die neuen Bioinformatik-Studierenden an verschiedene Bereiche der

	<p>Bioinformatik heranzuführen und mit den Saarbrücker Bioinformatik-Dozenten bekannt machen.</p> <p>Das Verständnis moderner Forschungsgebiete ist für Studienbeginner anspruchsvoll.</p> <p>Die Abfassung verständlicher Zusammenfassungen erfordert daher hohe Konzentration und eventuell Nacharbeit.</p>
<b>Inhalt:</b>	<p>Die Vorträge führen in wichtige Bereiche der Saarbrücker Bioinformatik-Forschung ein.</p> <p>Die Themen des WS22/23 lauteten:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Motivsuche in biologischen Sequenzen</li> <li>- Translationale Aspekte der Bioinformatik</li> <li>- Die Drug Discovery Pipeline: vom Genom zur Marktzulassung</li> <li>- Computational Mass Spectrometry</li> <li>- Ressourcen-effiziente Sequenzanalyse mit alignmentfreien Methoden</li> <li>- Protein-Protein-Docking</li> <li>- Bioinformatik in der Onkologie</li> <li>- Proteine: Struktur, Dynamik und Faltung</li> <li>- Protein-Translokation</li> <li>- Data Driven Drug Design: Structural Bioinformatics and Cheminformatics Approaches</li> <li>- Epigenetics-an introduction</li> <li>- Computational Epigenomics-Methoden zur Entschlüsselung epigenetischer Regulation</li> <li>- Single-Cell Bioinformatics</li> </ul>
<b>Studien- Prüfungsleistungen:</b>	<p>Benotung: ja</p> <p>Abgabe von mindestens drei Protokollen einzelner Vorträge. Die Note ergibt sich aus der Durchschnittsnote der drei besten bestandenen Protokolle.</p>
<b>Medienformen:</b>	<p>Die Vorträge werden als Powerpoint-Vorträge durchgeführt.</p>
<b>Literatur:</b>	<p>-</p>