

<b>Studiengang:</b>	Bachelor Bioinformatik
<b>Modulbezeichnung:</b>	<b>Softwarewerkzeuge der Bioinformatik</b>
<b>ggf. Kürzel:</b>	<b>PBI-B-1</b>
<b>ggf. Untertitel:</b>	-
<b>ggf. Lehrveranstaltungen:</b>	Vorlesung Softwarewerkzeuge der Bioinformatik Praktikum Softwarewerkzeuge der Bioinformatik
<b>Semester:</b>	4.-6. Semester Bachelor
<b>Angebotsturnus:</b>	jährlich im Sommersemester
<b>Modulverantwortliche(r):</b>	Prof. Dr. Volkhard Helms
<b>Dozent(in):</b>	Prof. Dr. Volkhard Helms
<b>Sprache:</b>	Deutsch
<b>Zuordnung zum Curriculum:</b>	Pflichtmodulelement (BI) der Kategorie „Praktika der Bioinformatik“ Wahlmodulelement (CMB) der Kategorie „Praktika der Bioinformatik“
<b>Lehrform / SWS:</b>	Vorlesung: 2 SWS Praktikum: 2 SWS
<b>Arbeitsaufwand:</b>	270 h = 64 h Präsenz- und 206 h Eigenstudium und Bearbeitung der Projekte
<b>Kreditpunkte:</b>	9

<b>Voraussetzungen:</b>	Grundkenntnisse von Protein- und DNA-Sequenzen und Proteinstrukturen. Vorkenntnisse aus Vorlesungen wie "Bioinformatik I" oder "Bioinformatik II" sind hilfreich, aber nicht erforderlich.
<b>Lernziele / Kompetenzen:</b>	<p>Diese Veranstaltung ist für Bioinformatiker mit Interesse an bioinformatischen Anwendungen und für interessierte Naturwissenschaftler konzipiert.</p> <p>Die Studierenden werden in der Vorlesung in drei wichtige Bereiche der Bioinformatik eingeführt.</p> <p>Es werden relevante Software-Tools und deren Anwendungen vorgestellt.</p> <p>In den Tutorien üben die Studierenden unter Anleitung die Bearbeitung einfacher Aufgabenstellungen.</p> <p>Zu den 3 Bereichen muss jeweils ein Mini-Forschungsprojekt in Gruppenarbeit selbständig bearbeitet und die Ergebnisse dokumentiert werden. Dabei werden die in den Tutorials eingesetzten Software-Tools eingesetzt.</p> <p>Nach Absolvierung der Veranstaltung sind die Studierenden mit einer Reihe von modernen bioinformatischen Tools und deren Anwendung zur Bearbeitung biologischer Fragestellungen vertraut.</p>
<b>Inhalt:</b>	<p>Die Vorlesung mit begleitendem Praktikum deckt drei wichtige Bereiche der bioinformatischen Praxis ab:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- biologische Sequenzanalyse</li> <li>- Proteinstruktur</li> <li>- Systembiologie</li> </ul> <p>Jedem Bereich werden etwa 4 Vorlesungsdoppelstunden gewidmet. Im ersten Bereich werden populäre Algorithmen zum paarweisen Vergleich von Sequenzen vorgestellt und deren Benutzung im Tutorial geübt. Dann wird das multiple Sequenzalignment vorgestellt, sowie Verfahren zur Motivsuche und von Punktmutationen.</p>

	<p>Im Bereich Proteinstruktur wird die Verknüpfung der Bereiche Sequenz - Struktur betont. Ein Fokus ist die Konstruktion von Homologiemodellen, sowie die Prinzipien biomolekularer Interaktionen.</p> <p>Im Bereich Systembiologie werden Expressionsanalyse, Interaktionsnetzwerke sowie regulatorische Netzwerke, Diffusionsprozesse und stochastische Prozesse behandelt.</p>
<b>Studien- Prüfungsleistungen:</b>	<p>Bearbeitung von drei Mini-Forschungsprojekten zu den drei Bereichen der Vorlesung in Dreiergruppen, die etwa alle vier Wochen ausgegeben werden</p> <p>Zulassung zur Klausur: mindestens 50 % aller Punkte aus Projekten. Benotung: ja Die Note entspricht der Note der Abschlussklausur bzw. der Wiederholungsklausur oder der Kombination aus Abschluss-bzw. Wiederholungsklausur und den Projekten (50:50), falls dies die Note verbessert.</p>
<b>Medienformen:</b>	Die Vorlesung wird als Powerpoint-Vortrag durchgeführt.
<b>Literatur:</b>	<p>David Mount: Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbour (2004)</p> <p>Arthur Lesk: Introduction to Bioinformatics, Oxford University Press (2008)</p> <p>Zusätzlich werden auf der Webseite der Vorlesung (<a href="http://gepard.bioinformatik.uni-saarland.de/teaching">http://gepard.bioinformatik.uni-saarland.de/teaching</a>) die Vortragsfolien bereitgestellt.</p>