

<b>Studiengang:</b>	Bachelor Bioinformatik
<b>Modulbezeichnung:</b>	<b>Bioinformatik 1</b>
<b>ggf. Kürzel:</b>	<b>BI-B-2</b>
<b>ggf. Untertitel:</b>	-
<b>ggf. Lehrveranstaltungen:</b>	Vorlesung Bioinformatik 1 Übung Bioinformatik 1
<b>Semester:</b>	3. Semester Bachelor
<b>Angebotsturnus:</b>	jährlich im Wintersemester
<b>Modulverantwortliche(r):</b>	Prof. Dr. Andreas Keller
<b>Dozent(in):</b>	Prof. Dr. Andreas Keller
<b>Sprache:</b>	Deutsch
<b>Zuordnung zum Curriculum:</b>	Wahlpflichtmodulelement der Kategorie „Vorlesungen der Bioinformatik“
<b>Lehrform / SWS:</b>	Vorlesung: 4 SWS Übung: 2 SWS
<b>Arbeitsaufwand:</b>	270 h = 96 h Präsenz- und 174 h Eigenstudium und Bearbeitung der Übungsaufgaben
<b>Kreditpunkte:</b>	9
<b>Voraussetzungen:</b>	Kenntnis des Inhalts/Stoffs von Programmierung 1 und 2 und Mathematik für Informatiker 1 und 2
<b>Lernziele / Kompetenzen:</b>	Die Grundfertigkeiten der Bioinformatik sollen in dieser Vorlesung vermittelt werden: <ul style="list-style-type: none"> <li>- Den Studentinnen und Studenten werden in der Vorlesung die grundlegenden Probleme und Fragestellungen der Bioinformatik vorgestellt werden.</li> <li>- Sie sollen lernen, wie man diese Probleme mathematisch modellieren und mit Hilfe der Methoden der Bioinformatik lösen kann.</li> <li>- Den Studierenden soll ein breites Spektrum an Problemlösestrategien und –verfahren aus den Bereichen „Algorithmen und Datenstrukturen“,</li> </ul>

	<p>„Optimierung“ und „Statistisches Lernen“ vermittelt werden.</p> <p>In den Übungen sollen die Studierenden lernen, selbständig</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- bioinformatische Fragestellungen zu modellieren,</li> <li>- sie mittels der entsprechenden Methoden zu lösen,</li> <li>- die entsprechenden Methoden oder zumindest gewisse zentrale Komponenten der Verfahren zu implementieren und</li> <li>- sie auf die biologischen Fragestellungen anzuwenden</li> </ul>
<b>Inhalt:</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Geschichte</li> <li>- Grundlagen Sequenzierung</li> <li>- Sequence Assembly I und II</li> <li>- Sequencing by Hybridization</li> <li>- SOLEXA Sequenzierung</li> <li>- Sequence Alignments</li> <li>- Branch and Cut</li> <li>- Suche in Sequenzdatenbanken</li> <li>- QUASAR</li> <li>- Profile and HMMs</li> <li>- VEIL</li> <li>- Genome Arrangements</li> <li>- SNPs and Mutations</li> <li>- Microarray Analysis 1 und 2</li> </ul>
<b>Studien- Prüfungsleistungen:</b>	<p>Erfolgreiches Bearbeiten der Übungen</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- 50% Theoriepunkte</li> <li>- 50% Praxispunkte</li> </ul> <p>Bestehen der Klausur</p>
<b>Medienformen:</b>	<p>Die Vorlesung wird als Powerpoint-Vortrag durchgeführt.</p>
<b>Literatur:</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Pevzner, Computational Molecular Biology, ISBN 0-262-16197-4</li> <li>- Gusfield, Algorithms on Strings, Trees and Sequences, ISBN 0-521-58519-8</li> <li>- Baldi and Brunak, Bioinformatics, ISBN 0-262-02506-X</li> <li>- Powerpoint-Vorlesungsfolien</li> <li>- Spezialliteratur und weitere Informationen auf der Webseite der Vorlesung: <a href="https://teaching.bioinf.uni-sb.de/bioinfo/ws16/index.html">https://teaching.bioinf.uni-sb.de/bioinfo/ws16/index.html</a></li> </ul>