

M4416	Bioinformatik: Von der Sequenz zur Struktur biologischer Makromoleküle			
	Bioinformatics: From Sequence to structure			
Modulverantwortliche/r Steger (steger@biophys.uni-duesseldorf.de)				
Dozentinnen/Dozenten Steger				
Modulorganisation Steger (steger@biophys.uni-duesseldorf.de)				
Arbeitsaufwand 420 h	Leistungspunkte 14 CP	Kontaktzeit 300 h	Selbststudium 120	Dauer 1 Semester
Lehrveranstaltungen Praktikum: 18 SWS Vorlesung: 2 SWS		Häufigkeit des Angebots Wintersemester		Gruppengröße 16 Studierende
Lernergebnisse/Kompetenzen Die Studierenden können grundlegende Algorithmen der Bioinformatik darstellen und den Einsatz der Algorithmen für die Vorhersage von RNA- und Proteinstruktur erläutern. Die Studierenden können verschiedene Programme zur Vorhersage von RNA- und Proteinstruktur unter Verwendung vernünftiger Optionen einsetzen und deren Vorhersagen vergleichen und bewerten. Die Studierenden können einen gegebenen, einfachen Algorithmus mit Hilfe einer interpretierten Programmiersprache (perl) implementieren.				
Lehrformen Vorlesung, Praktikum, Seminar				
Inhalte <u>Perl-Programmierung:</u> Reguläre Ausdrücke; Kontrollstrukturen, Arrays, Hashes, mehrdimensionale Variablen; Sequenzvergleich (Dotplot); Graphentheorie; Programmierung von globalem und lokalem Alignment; Objekte und Module in BioPerl <u>RNA-Struktur und -Funktion:</u> Kooperative Gleichgewichte in doppelsträngiger Nukleinsäure: PCR, Hybridisierung, Primer-Design Struktur und Stabilität einer einzelsträngigen Ribonukleinsäure: Sekundärstruktur-Vorhersage, Vorhersage von Pseudoknoten, phylogenetische bzw. vergleichende Strukturvorhersage; Graphentheorie, Informationstheorie Strukturbildung einer einzelsträngigen Ribonukleinsäure: Sequentielle Faltung, Monte-Carlo, Simulated Annealing, Genetische Algorithmen <u>Protein-Struktur:</u> Energetik von Protein-Strukturen Protein-Sekundärstruktur-Vorhersage: Chou-Fasman; GOR; Amphiphilie von α -Helices Qualität von Vorhersagen: Spezifität, Sensitivität, „jack knife“ Vorhersage von Transmembran-Helices: Hidden-Markov-Modelle Vorhersage von Signalpeptiden und Signalankern: Neuronale Netze Protein-Sekundärstruktur-Vorhersage mit <i>ab-initio</i> -Methoden inverse Protein-Faltung: Threading Homologie-Modellierung				
Teilnahmevoraussetzungen				

Formal: Zulassung zum Masterstudiengang
Inhaltlich: Keine
Prüfungsformen (1) Kompetenzbereich Wissen (80% der Note): mündliche Prüfung über die Inhalte der Vorlesung und des Praktikums (2) Kompetenzbereich Präsentation (20% der Note): Ausarbeitung und Präsentation von Übungsaufgaben
Voraussetzungen für die Vergabe der Leistungspunkte für dieses Modul (1) Regelmäßige und aktive Teilnahme am Praktikum (2) Bestehen des Kompetenzbereichs Wissen (3) Präsentation einer oder mehrerer Übungsaufgaben
Zuordnung zum Studiengang/Schwerpunkt (Major- nur im Masterstudiengang) Masterstudiengang) Studiengang: Masterstudiengang Biologie Schwerpunkt: Bioinformatik/Quantitative Biologie
Verwendung des Moduls in anderen Studiengängen Masterstudiengang Biochemie
Stellenwert der Note für die Endnote Die Note fließt entsprechend der Leistungspunkte (CP) gewichtet in die Gesamtnote ein: M.Sc. Biologie 14/ 72 CP.
Unterrichtssprache Deutsch; Originalarbeiten für Seminar in Englisch
Sonstige Informationen Das Modul wird zentral vergeben.