

Datenfeld	Erklärung
Modulnummer	WP02
Titel	Bioinformatik (Strukturanalyse) / Bioinformatics (Structure Analysis)
Leistungspunkte	5 LP
Workload	4 SWS Ü (68 Stunden Präsenz) 82 Stunden Selbststudium
Lerngebiet	Fachspezifische Vertiefung
Lernziele/Kompetenzen	Erlernen der grundlegenden Methoden zur Strukturvorhersage und der Strukturdatenbanken, Beurteilung von Strukturvorhersagen und Anwenden von Methoden zur Vorhersage von Ligand-Protein-Wechselwirkungen.
Voraussetzungen	Keine
Niveaustufe	1./2. Studienplansemester
Lernform	Übung
Status	Wahlpflichtmodul
Häufigkeit des Angebotes	nach Bedarf / Entscheidung des Fachbereichsrates
Prüfungsform	<p>Die Prüfungsform wird nach §19 (2) RSPO durch die Lehrkraft festgelegt. Die Prüfungsmodalitäten werden von den Lehrenden innerhalb der Belegfrist schriftlich (z. B. Aushang, Moodle, Handout) mitgeteilt. Dazu gehören insbesondere Art, Umfang und Termine der geforderten Leistungsnachweise, ggf. Anforderungen hinsichtlich der studentischen Mitarbeit im Rahmen des Moduls sowie die Kriterien für die Festlegung der Modulnote.</p> <p>Sofern die Lehrkraft die Prüfungsform und die Prüfungsmodalitäten nicht am Semesteranfang in der Frist nach §19 (2) RSPO festlegt, gilt folgende Prüfungsform:</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1. Teilleistungsnachweis: semesterbegleitende Laborversuche mit Auswertungen (Protokolle, unbenotet)</li> <li>2. Abschließender Leistungsnachweis: Klausur</li> </ol> <p>Die Teilnahme an der Klausur ist nur nach erfolgreicher Teilnahme an Laborversuchen möglich. Wurden die Laborversuche nicht erfolgreich abgeschlossen, wird die Note 5,0 vergeben; ein weiterer Prüfungsversuch ist in dem Semester nicht mehr möglich.</p>
Ermittlung der Modulnote	siehe Studienplan
Anerkannte Module	Module vergleichbaren Inhalts
Inhalte	Fundamentals of protein structure. Protein structure databases: Protein Databank, SCOP, CATH; Data formats: pdb, mmCIF, PDBXL Experimental methods in structure analysis: X-ray crystallography, NMR, FTIR, ORD/CD; Cryo-electron microscopy. Prediction of protein structure in 1D: secondary structure prediction, membrane regions, solvent accessibility. Molecular visualisation of protein structure (e. g. Chimera, SPDPV, VMD, Pymol); Structure comparison and alignment

	<p>Secondary structure assignment from 3-D data. Molecular visualisation of small molecules (Marvinsketch, MarvinSpace), data formats (smiles, mol2, conversion of formats), ZINC database, Cambridge structural database. Modelling of protein structure: homology modelling, fold recognition, ab initio prediction. Docking methods: prediction of protein-ligand interactions</p>
Literatur	<p>D.W. Mount Bioinformatics - Sequence and Genome Analysis Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, New York, aktuelle Auflage. Gu, J. and Bourne, P.E.: Structural bioinformatics, Wiley-Blackwell - aktuelle Auflage</p> <p>weitere Literatur in den Kursunterlagen auf der Lernplattform der Hochschule</p>
Weitere Hinweise	<p>Dieses Modul kann ganz oder in Teilen in Englisch angeboten werden. Das Modul wird in geblockter Form durchgeführt.</p>
Raumbedarf	<p>Ü-IT  Ü-Sem (für Vorbesprechungen, Fachgespräche, Abschlussbesprechung)</p>