

Datenfeld	Erklärung
Modulnummer	WP01
Titel	Bioinformatik (Sequenzanalyse) / Bioinformatics (Sequence Analysis)
Leistungspunkte	5 LP
Workload	Präsenzzeit: 4 SWS Ü (68 Stunden Präsenz) 82 Stunden Selbststudium
Lerngebiet	Fachspezifische Vertiefung
Lernziele/Kompetenzen	Die Studierenden haben die grundlegenden Methoden zum Sequenzalignment, der Sequenzdatenbanken, Einführung in die Algorithmik, selbständiges und korrektes Anwenden von Sequenzdatenbanken, korrekte Beurteilung von Datenbank-Suchen und die Einschätzung der in den Methoden verwendeten Algorithmen erlernt.
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"> 1. Teilleistungsnachweis: semesterbegleitende Laborversuche mit Auswertungen (Protokolle, unbenotet) 2. Abschließender Leistungsnachweis: Klausur <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	Sequenzdaten, Datenbanken, Sequenzanalysesoftware, Algorithmen. Mathematische Methoden zum Sequenzvergleich: Alignmentproblem, Dynamische Optimierung, Eindeutigkeit von Lösungen, Sequenzassemblierungen und Lokalisation von Mutationen. Fortgeschrittene Methoden. Spezielle Verfahren zum

	<p>Sequenzvergleich, z.B. spliced Alignment, geeignete Software, Sequenzstrangproblematik, Fehlidentifikationen von Splicestellen. Proteinsequenzvergleiche: Einführung in Proteinfamilien und Stammbäume, Abstandsmaße für Aminosäuren, Substitutionsmatrizen. Neuronale Netze. Entwicklung von Substitutionsmatrizen, Statistische Signifikanz von Alignments: die e-Werte in BLASTN und BLASTP; Signifikanzprüfung durch Simulation. Stammbäume nach dem Parsimony-Prinzip, metrische Stammbäume.</p>
Literatur	<p>D.W. Mount Bioinformatics - Sequence and Genome Analysis Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor , New York</p> <p>R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison Biological sequence analysis - Probabilistic models of proteins and nucleic acids Cambridge University Press</p> <p>I. Eidhammer, I. Jonassen, W.R. Taylor Protein Bioinformatics - An Algorithmic Approach to Sequence and Structure Analysis John Wiley and Sona Ltd.</p> <p>S.L. Salzberg, D.B. Searls, S. Kasif Computational Methods in Molecular Biology Elsevier Science B.V. Amsterdam, Lausanne, New York, Oxford, Shannon, Singapore, T - jeweils 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>