Teilimportmodul

| [W.4] | Bioinformatik | Wahlpflichtm odul | 6 CP (insg.) = 180 h | 5 |
|----------------|---------------|----------------------|--------------------------------|------------------------|
| Bioinformatics | | | Kontaktstudium 5 SWS / 75 h | Selbststudium 105 h |

Inhalte

Die Bioinformatik vereinigt Fragen, Methoden und Konzepte aus der Biologie, der Informatik und der Statistik. Die Inhalte dieses Moduls sind so gewählt, dass sie den Studierenden ein erstes zusammenhängendes Gesamtbild über die Bioinformatik ermöglichen.

Im biologischen Teil werden die molekularen Grundlagen des Informationsflusses in einer Zelle vermittelt. Die Spanne reicht von der genomischen DNA bis hin zum fertig gefalteten Protein. Im anschließenden methodischen Teil erlernen die Studierenden relevante Ansätze zur biologischen Sequenzdatengewinnung von der PCR bis hin zur Hochdurchsatzsequenzierung gesamter Genome. Der statistische Teil legt dann die Grundlagen zur Modellierung biologischer Sequenzen mittels Markov-Ketten, positionsspezifischer Scoring-Matrizen und hidden Markov Modellen. Darüber hinaus wird die Modellierung von DNA Sequenzevolution mittels zeit-kontinuierlicher Markov-Ketten unter Berücksichtigung gängiger Substitutionsmodelle (PAM, BLOSUM, WAG) und ihrer Spezifika behandelt. Auf Ebene der Sequenzvergleiche folgen Algorithmen zur exakten und heuristischen Mustersuche im Kontext des Referenz-basierten Mappings von genomischen shotgun-Sequenzen und der Identifizierung von Signalsequenzen und Sekundärstruktur-Elementen. Weiterhin werden Prinzipien und Methoden zur Erstellung lokaler und globaler paarweisen Sequenzalignments vorgestellt. Es folgen Ansätze zur Signifikanzabschätzungen von Sequenzähnlichkeiten die zu heuristischen Datenbank-Suchen überleiten (BLAST, FASTA). Alignment-freie Ansätze zum paarweisen Sequenzvergleich werden angeschnitten. Methoden zum Vergleich mehrerer Sequenzen mittels progressiver Alignmentstrategien und deren Verbesserung mittels verschiedener stochastischer Optimierungsstrategien sowie Konsistenz-basierter Ansätzen zur Erstellung multipler Sequenzalignments bilden den Abschluss der vergleichenden DNA Sequenzanalyse. Aufbauend folgen im Anschluss basale Prinzipien maschineller Lernverfahren wie Support-Vector-Machines und probabilistische Neuronale Netze im Kontext der funktionellen Annotation und der Klassifizierung biologischer Sequenzen. Methoden und Ansätze zur phylogenetischen Analyse von DNA- und Proteinsequenzen umfassen verschiedene Clustering-Algorithmen (UPGMA, Neighbor Joining), Parsimony-Prinzipien, sowie Likelihood—basierte Methoden. Verschiedene Varianten der Orthologie/Paralogie-Vorhersage liefern dann die Verbindung zwischen Sequenz- und Speziesbäumen, die im nächsten Schritt hin zur Funktionsvorhersage von Proteinsequenzen führt. Grundlagen der Strukturellen Bioinformatik mit Hinblick auf die Homologiemodellierung von Proteinstrukturen bilden den Abschluss dieses Moduls.

Relevante Sequenzinformationsdatenbanken werden entsprechend des Kontexts an den entscheidenden Stellen eingeführt und deren Aufbau und Struktur besprochen.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Die Studierenden kennen nach erfolgreichem Abschluss des Moduls die Prinzipien bioinformatischer Algorithmen und können diese hinsichtlich ihrer Einsatzmöglichkeiten beurteilen und einsetzen. Insbesondere soll die Brücke zwischen einem biologischen Konzept und dessen Abstraktion in einem statistischen Modell oder in einem Algorithmus erkannt werden. Darüber hinaus sollen sie in die Lage versetzt werden bioinformatische Standard-Analysen eigenständig durchführen zu können.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

keine

Empfohlene Voraussetzungen

keine

Organisatorisches

SUMME

Teilimportmodul, es gelten die Anmelde- und Rücktrittsfristen der Ordnung des Bachelors Bioinformatik. (Die Prüfung erfordert eine online Anmeldung, spätestens 14 bzw. 7 Tage vor dem Prüfungstermin. Bis 7 bzw. 2 Werktage vor dem Prüfungstermin ist der Rücktritt ohne Angabe von Gründen möglich.)

| Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich) | | B.Sc. Bioinformatik / FB12 | | | | | | | | | |
|--|--|------------------------------------|----------------|---|---|---|---|---|--|--|--|
| Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge | | | | | | | | | | | |
| Häufigkeit des Angebots | | Einmal im Jahr (im Sommersemester) | | | | | | | | | |
| Dauer des Moduls | 1 Semester | | | | | | | | | | |
| Modulbeauftragte / Modulbeauftragter | Prof. I. Ebersberger | | | | | | | | | | |
| Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen | Keine | | | | | | | | | | |
| Teilnahmenachweise | | | | | | | | | | | |
| Leistungsnachweise / Studienleistung | | | | | | | | | | | |
| Lehr- / Lernformen | Vorlesung, Übung | | | | | | | | | | |
| Unterrichts- / Prüfungssprache | Deutsch oder Englisch | | | | | | | | | | |
| Modulprüfung | Form / Dauer / ggf. Inhalt | | | | | | | | | | |
| Modulabschlussprüfung bestehend aus: | Schriftliche Abschlussprüfung (Klausur 120 Min.) | | | | | | | | | | |
| kumulative Modulprüfung bestehend aus: | | | | | | | | | | | |
| Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen: | | | | | | | | | | | |
| | LV- Form | SWS | Semester CP | | | | | | | | |
| | | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | | | |
| Grundlagen der Bioinformatik | V | 3 | 3 | | 3 | | | | | | |
| Grundlagen der Bioinformatik | Ü | 2 | | | 3 | | | | | | |
| | | | | | | | | | | | |