

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

	<p>Softwaredesigns im Rahmen der Übungen vertieft werden.</p> <ul style="list-style-type: none"> - Darüber hinaus soll den Studierenden grundlegende Kenntnisse der OO-Programmiersprache C++ vermittelt werden. <p>In den Übungen sollen die Studierenden lernen, selbständig</p> <ul style="list-style-type: none"> - bioinformatische Fragestellungen zu modellieren, - sie mittels der entsprechenden Methoden zu lösen, - die entsprechenden Methoden oder zumindest gewisse zentrale Komponenten der Verfahren zu implementieren und - sie auf die biologischen Fragestellungen anzuwenden.
Inhalt:	<ul style="list-style-type: none"> • Geschichte der Genetik und Genomik • Grundlagen der Sequenzierung • Sequence Assembly I und II • Sequencing by Hybridization • Sequence Alignments • Optimierungsverfahren (Dynamische Programmierung, Greedy-Verfahren, ILPs und Branch&Cut) • Suche in Sequenzdatenbanken • Profile and HMMs • Genome Arrangements • Identifizierung Krankheits-assoziiertes SNPs and Mutationen • Hypothesentesten • Microarray Analysen und Anwendungen
Studien-Prüfungsleistungen:	<p>Erfolgreiches Bearbeiten der Übungen</p> <ul style="list-style-type: none"> - 50% Theoriepunkte - 50% Praxispunkte <p>Bestehen der Klausur</p>
Medienformen:	<p>PowerPoint-Präsentationen + Mathematische Ableitungen und Beweise an der Tafel</p>
Literatur:	<ul style="list-style-type: none"> - Pevzner, Computational Molecular Biology, ISBN 0-262-16197-4 - Gusfield, Algorithms on Strings, Trees and Sequences, ISBN 0-521-58519-8 - Baldi and Brunak, Bioinformatics, ISBN 0-262-02506-X - Powerpoint-Vorlesungsfolien - Spezialliteratur - Webseite der Vorlesung: https://teaching.bioinf.uni-sb.de/bioinfo/ws19/index.html