

Studiengang:	Bachelor Bioinformatik
Modulbezeichnung:	Bioinformatik 2
ggf. Kürzel:	BI-B-3
ggf. Untertitel:	-
ggf. Lehrveranstaltungen:	Vorlesung Bioinformatik 2 Übung Bioinformatik 2
Semester:	4. Semester Bachelor
Angebotsturnus:	Jährlich im Sommersemester
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:	Vertrautheit mit Inhalt von Bioinformatik 1, Mfl1 bis 3, Programmierung 2, C++-Programmierung unter Linux
Lernziele / Kompetenzen:	<p>Die Vorlesung schließt an die Bioinformatik 1-Vorlesung an. Während in der Bioinformatik-1-Vorlesung der Schwerpunkt auf sequenzbasierten Methoden liegt, konzentriert sich die Bioinformatik-2-Vorlesung auf molekulare Strukturen und Interaktionen.</p> <p>Nach einer Einführung in die Strukturbiologie und ihre zentralen Fragestellungen lernen die Studierenden Methoden zur Vorhersage und Modellierung von Protein-Strukturen kennen.</p> <p>Anschließend werden effektive und effiziente Verfahren für das Protein-Protein-Docking diskutiert.</p> <p>Im Focus des dritten Teils der Vorlesung stehen Fragestellungen und Methoden des rationalen Wirkstoffdesigns.</p> <p>Schließlich betrachten wir neue bioinformatische Methoden für ausgewählte biomedizinische Fragestellungen.</p>

	<p>In den Übungen sollen die Kenntnisse der Objekt-orientierten Programmierung, des Softwaredesigns und der Programmiersprache C++ vertieft werden.</p> <p>Im Rahmen eines Projekts (Protein-Protein-Docking) sollen die Studierenden ferner lernen, neue Verfahren und Methoden zu entwickeln, entsprechende Softwarelösungen zu designen und zu implementieren und letztlich Ihre neuen Ansätze zu evaluieren.</p>
Inhalt:	<ul style="list-style-type: none"> - Introduction to Protein Structure - Secondary Structure Assessment - Secondary Structure Prediction - Molekulare Superpositionierung - Threading - Homology Modelling - De Novo Strukturvorhersage - Docking - Discrete Fourier Transformation - Docking Challenge - Drug Screening - Microarray Analysis - GeneTrail
Studien-Prüfungsleistungen:	<p>Benotung: ja</p> <ul style="list-style-type: none"> - Erfolgreiches Bearbeiten der Übungen: 50% Theoriepunkte 50% Praxispunkte - Erfolgreiche Teilnahme am Docking-Wettbewerb - Bestehen der Klausur
Medienformen:	PowerPoint-Präsentationen + Mathematische Ableitungen und Beweise an der Tafel.
Literatur:	Auf der Webseite der Vorlesung (https://teaching.bioinf.uni-sb.de/bioinfol/20/index.html) werden die Vortragsfolien und zu jeder Vorlesung eine Reihe von Originalarbeiten als vertiefende Lektüre bereitgestellt. Übungsblätter und weiterführende Informationen sind ebenfalls auf der Website verfügbar