

<b>Modulbezeichnung</b>	<b>Bioinformatik 1</b>	
<b>ECTS-Punkte (Dauer)</b>	5 (1 Semester)	
<b>Art</b>	Pflichtfach	
<b>Studentische Arbeitsbelastung</b>	60 h Kontaktzeit + 90 h Selbststudium	
<b>Voraussetzungen (laut BPO)</b>	Programmieren 1	
<b>Empf. Voraussetzungen</b>	Allgemeine Biologie, Programmieren 1, Programmieren 2	
<b>Verwendbarkeit</b>	BaBTBI	
<b>Prüfungsform und -dauer</b>	Klausur 1,5 h oder mündliche Prüfung plus Praktikumsaufgaben	
<b>Lehr- und Lernmethoden</b>	Vorlesung, Praktikum	
<b>Modulverantwortlicher</b>	T. Schmidt	
<b>Qualifikationsziele</b>		
Der Student soll die Methoden der DNA- und Protein-Sequenzanalyse verstehen. Die grundlegenden Methoden des nicht exakten Stringmustervergleichs sollen die grundsätzliche Problematik bei den Analysemethoden informationstragender Makromoleküle wie DNA- und Proteinsequenz verdeutlichen. Die heuristischen Verfahren (FAST und BLAST) und deren Algorithmik sollen erarbeitet werden.		
<b>Lehrinhalte</b>		
Modelle zur Sequenzanalyse in der Bioinformatik. Dynamische Programmierung und heuristische Methoden. FAST und BLAST Algorithmus. Multiples Sequenzalignment. Sekundäre Analyse von Sequenzinformationen: Pattern, gewichtete Matrizen, HMM. Genvorhersagen in Prokaryoten Im Praktikum ist Anwesenheitspflicht.		
<b>Literatur</b>		
Mount: Bioinformatics Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Lab Press, 2004 Selzer: Angewandte Bioinformatik, Springer Verlag, 2004		
<b>Lehrveranstaltungen</b>		
<b>Dozent</b>	<b>Titel der Lehrveranstaltung</b>	<b>SWS</b>
T. Schmidt	Bioinformatik 1	2
T. Schmidt	Bioinformatik 1 Praktikum	2