

Modulbezeichnung	Bioinformatik 1	
ECTS-Punkte (Dauer)	5 (1 Semester)	
Art	Pflichtfach	
Studentische Arbeitsbelastung	60 h Kontaktzeit + 90 h Selbststudium	
Voraussetzungen (laut BPO)	Programmieren 1	
Empf. Voraussetzungen	Allgemeine Biologie, Programmieren 1, Programmieren 2	
Verwendbarkeit	BaBTBI	
Prüfungsform und -dauer	Klausur 1,5 h oder mündliche Prüfung plus Praktikumsaufgaben	
Lehr- und Lernmethoden	Vorlesung, Praktikum	
Modulverantwortlicher	T. Schmidt	
Qualifikationsziele		
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.		
Lehrinhalte		
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.		
Literatur		
Mount: Bioinformatics Sequence and Genome Analysis, Cold Spring Harbor Lab Press, 2004 Selzer: Angewandte Bioinformatik, Springer Verlag, 2004		
Lehrveranstaltungen		
Dozent	Titel der Lehrveranstaltung	SWS
T. Schmidt	Bioinformatik 1	2
T. Schmidt	Bioinformatik 1 Praktikum	2