

Lernzielkatalog der Universitätsmedizin Greifswald für das Wahlfach „Medizinische Bioinformatik“ im Zweiten Abschnitt

Lernziele:

- Einführung in die Bioinformatik: Was ist Bioinformatik, warum Bioinformatik
- Biologische / Bioinformatik-Datenbanken: So erhalten Sie Informationen zu molekularen und genomischen Daten
- Rekapitulation grundlegender Begriffe der Biochemie und Molekularbiologie
- Praktische Erfahrung in der praktischen bioinformatischen Datenanalyse
- Methoden zur Sequenzanalyse und wie man sie anwendet
- Praktische Erfahrung in der funktionalen Annotation von molekularen/OMICs-Daten
- Wie man biologische Befunde mithilfe von Signalweg- und Gen-Annotationsmethoden (z. B. KEGG, GO und String) in eine sinnvolle Interpretation übersetzt
- Clustering-Methoden und Clusteranalyse

Ziel des Wahlfachs „Medizinische Bioinformatik“ ist es, eine umfassende, forschungsorientierte Einführung in die Anwendung bioinformatischer Methoden in der biomedizinischen Forschung zu geben. Wir stellen weit verbreitete und populäre bioinformatische Ressourcen und Methoden vor und demonstrieren deren Anwendung zur Analyse von biomedizinischen Forschungsdaten. Die Studierenden werden in die Anforderungen an die Datenformatierung für die anschließende computergestützte Verarbeitung von Forschungsdaten eingeführt, und öffentliche Datenbanken und Bioinformatik-Ressourcen werden vorgestellt. Der Fokus liegt darauf, den Kursteilnehmern praktische Erfahrungen in der Bioinformatik-Analyse zu vermitteln. Ein Hauptziel ist es, Medizinstudierenden grundlegende Kenntnisse bioinformatischer Methoden zu vermitteln, um sie zu befähigen, bioinformatische Konzepte zu verstehen und grundlegende Analysemethoden in eigenen Forschungsprojekten anzuwenden und zu befähigen sie zu g. Verschaffen Sie sich ein klareres Verständnis dafür, wie Bioinformatik helfen kann, die biomedizinische Forschung zu unterstützen, aber auch, wo ihre Grenzen liegen.

Modul

Modulziele	<ul style="list-style-type: none"> • Kenntnisse zur selbstständigen Lösung bioinformatischer Probleme • Verständnis zum Umgang mit webbasierten Tools und Datenbanken • Vertiefung von Medizin- und Bioinformatik anhand angewandter Beispiele
Modulinhalte	<p>Vorlesung („Medizinische Bioinformatik“):</p> <ul style="list-style-type: none"> • Einführung in bioinformatische Tools und Datenbanken • Alignments (Multiple-, BLAST) • Motivsuchen und Domänensuche • Funktioneller Annotation und Stoffwechselwegen • Interaktionsnetzwerkanalysen • Orthologensuchen und phylogenetische Analysen • Strukturvorhersagen für Proteine und RNA <p>Praktikum („Angewandte Bioinformatik“):</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nutzung von biologischen Datenbanken • Strukturvorhersage, Domänenvorhersage • funktionelle Annotation, regulatorische Interaktionsnetzwerke • Orthologensuche • Co-Expressionsanalysen • Exemplarische Bearbeitung von einzelnen Proteinen und deren vollumfängliche Analyse
Leistungsnachweise	Übungsblätter zu den Inhalten des Praktikums (nach Ankündigung zu Beginn der Veranstaltung); Regelmäßige Teilnahme am Praktikum
Angebot	Jährlich
Dauer	1 Semester
Regelprüfungstermin	Regelprüfungstermin ist das Semester, in dem das Modul erstmals angeboten wird (2. Semester)

Lehr- und Lernplan:

Thema	UE (45 min)
Einführung in die Bioinformatik <ul style="list-style-type: none"> ● Grundlagen der Biochemie: Sequenz und Struktur - Nukleotid und Protein ● Unterschiedliche Datenformate und Annotationsstandards: GenBank, FASTA, Multiple Sequence Alignment ● Funktionale Datenbanken: GO, KEGG ● Greifen Sie auf Informationen aus verschiedenen Datenbanken zu: NCBI, SWISSPROT, PDB ● Krankheitsdatenbanken: OMIM ● Literaturdatenbanken: Pubmed / Medline ● Primäre und sekundäre Datenbank: Entrez / NCBI, InterPro ● Praktisches Beispiel mit dem Sammeln von Informationen für eine Krankheit 	6
Sequenz Bioinformatik <ul style="list-style-type: none"> ● Genzentrierte Datenbanken ● Datenstrukturen und Algorithmen zur Sequenzanalyse ● Einige der grundlegendsten Algorithmen der Bioinformatik implementieren und anwenden. ● Dynamische Programmierung (Sequenzabgleich) ● Paarweises Sequenz-Alignment: Lokales und globales Alignment ● Anwendung mit beispielhaften Bioinformatik-Tools wie BLAST ● Multiple Sequence Alignment über MAFFT und MUSCLE ● Ortholog-Suchanwendung mit OMA, OrthoMCL und InParanoid 	6
Einführung in die Next Generation Sequence (NGS) Datenanalyse <ul style="list-style-type: none"> ● Einführung in neueste NGS-Technologien wie RNA-Seq ● Unterschiedliches Ausgabedatenformat: fastq, bam, sam ● Einführung in die Transkriptomik ● Entdecken Sie Bioinformatik-Tools zur Analyse von NGS-Daten mit Galaxy 	12
Von der Sequenz zur Funktion <ul style="list-style-type: none"> ● Erlernen der verschiedenen Ressourcen für funktionale Annotationen in der Bioinformatik ● die Definition im Zusammenhang mit Veröffentlichungen im Bereich Bioinformatik verstehen ● Tools zur Identifizierung neuartiger funktioneller Merkmale von Transkriptomen unter Verwendung von Pathway Mining, KEGG, GO ● Identifizierung konservierter Motive über MEME und funktioneller Domänen über Pfam ● Praktische Anwendung mit Beispieldaten 	6
Genexpressionsprofilierung über Bioinformatik in R <ul style="list-style-type: none"> ● Verschiedene Clustering-Algorithmen: Hierarchisches Clustering, k bedeutet ● Hauptkomponentenanalyse (PCA) ● Bewertungsmethoden wie Randindex, Silhouettenscore ● Verwirrungsmatrix ● Einführung in das Data Mining ● Praktische Anwendung mit Beispieldaten 	12
	42