

<b>Modul Bioinformatik</b>	
<b>Verantwortliche/r</b>	Prof. Dr. Mario Stanke
<b>Lehrformen</b>	Vorlesung (2 SWS) und Übung (2 SWS)
<b>Dauer/Zyklus</b>	1 Sem., B: jährlich im SoSe
<b>Inhalt</b>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Probabilistische Modelle der Bioinformatik (CRFs, HMMs, graphische Modelle)</li> <li>• Parameterschätzung (Baum-Welch und EM-Algorithmus)</li> <li>• Strukturbioinformatik (3D-Struktur, Interface, Docking)</li> <li>• Quantifizierung von Transkripten und Expressionsanalyse (RNA-Seq)</li> <li>• Methoden zur Evaluierung von Vorhersagen und Klassifikationen (ROC-Analyse, Kreuzvalidierung)</li> </ul>	
<b>Qualifikationsziele</b>	
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Fähigkeit, eigene Modelle zu neuen biologischen Problemen aufzustellen, ihre Parameter zu schätzen und ihre Effizienz auf Testdaten zu evaluieren.</li> <li>• Befähigung, Expressionsanalysen auf in der Praxis typischen Daten durchzuführen.</li> <li>• Beherrschung des Umgangs mit aktuellen Bioinformatik-Tools.</li> </ul>	
<b>Literatur</b>	
BISHOP: Pattern Recognition and Machine Learning, Springer KOLLER, FRIEDMAN: Probabilistical Graphical Models, MIT Press MERKL, WAACK: Bioinformatik Interaktiv, Wiley	
<b>Vorkenntnisse</b>	Genomanalyse, Bioinformatisches Praktikum, Stochastik
<b>Prüfung</b>	Die Modulprüfung ist eine 30-minütige mündliche Prüfung des Stoffes der Vorlesung und Übung. Die aktive Teilnahme an den Übungen wird erwartet.
<b>Note</b>	Note der Modulprüfung
<b>Aufwand</b>	180 (Vorlesung: 30, Übung: 30, Selbststudium: 120)
<b>Leistungspunkte</b>	6
<b>Studiengänge</b>	M.Sc. Biomathematik - Diskrete Mathematik/Algorithmik