

## Zeitplan - Bioinformatik II - Functional Genomics 31.7.2009-2.8.2009

<b>Freitag, 31.7.2009</b>	<b>Ressourcen, Datenbanken, MySQL und Perl</b>
9:00-10:30 Uhr	Allgemeine Einführung Functional Genomics Die Angebote der wichtigsten Bioinformatik-Zentren NCBI, EBI, EXPASY, GenomeNet Grundlagen Datenbanken Microarrays, Proteomics, Pathways, System Biology Internet-Bookmarks zur Functional Genomics RSS feeds und Literature-Mining-Tools
10:30 -10:50 Uhr	Pause
10:50-12:30 Uhr	Konfiguration des Bioinformatik-Arbeitsplatzes Installation von Perl Installation eines WAMP-Servers (Windows, Apache, MySQL, PHP) Administration der Datenbank MySQL mit phpMyAdmin Konfiguration für große Datenbanken Erstellen einer MySQL-Datenbank Programmier-Editoren für Bioinformatik-Programme
12:30-13:30 Uhr	Mittagspause
13:30-14:45 Uhr	Programmieren mit Perl Einführung - Grundlegende Strukturen Arbeiten mit Regular Expressions Z.b. PromotorScan des E.coli Genoms
14:45-15:15 Uhr	Pause
15:15-17:00 Uhr	MySQL-Datenbankabfrage und Aktualisierung mit PERL Beispiel Aminosäure-Datenbank, Datenbank des humanen Proteoms, Microarray-Datenbank Komplexe Abfragen mit SQL formulieren Auslesen von NCBI-Datenbanken mit PERL (EUtilities)
<b>Samstag, 2.8.2009</b>	<b>EMBOSS, R und Bioconductor</b>
9:00-10:30 Uhr	Installation von EMBOSS Einführung in die EMBOSS-Programme Proteomics (MS)-Analysen mit EMBOSS Installation lokaler EMBOSS-Datenbanken Steuerung von EMBOSS-Programmen mit PERL Prosite-Patternscan mit EMBOSS
10:30 -10:50 Uhr	Pause
10:50-12:30 Uhr	Einführung in Microarray-Datenbanken (GEO, ArrayExpress) Proteomics- und 2D-Gel-Datenbanken Proteomics Services (MASCOT, Protein Prospector, ExPASY)
12:30-13:30 Uhr	Mittagspause
13:30-14:45 Uhr	Installation des Statistikpakets R Installation von Bioconductor Einführung in die Verwendung von R und Bioconductor Beispiele statistischer Analysen mit R Steuerung von R mit Perl-Skripten
14:45-15:15 Uhr	Pause

15:15-17:00 Aufbau eines Microarray-Analyse-Workflows mit R  
Import von Affymetrix Genchip-Daten  
Qualitätskontrolle  
Finden differentiell exprimierter Gene  
Clustering der Gene  
Annotation gefundener Gene

**Sonntag, 3.8.2008 Systems Biology**

9:00-10:30 Uhr Überblick über Ressourcen der Systembiologie  
Enzym- und metabolische Datenbanken  
Pathway-Datenbanken  
Arbeiten mit KEGG, Reactome und PANTHER  
Modell- und Simulations-Datenbanken  
Gene Ontology (GO)  
Distributed Annotation Services (DAS)

10:30 -10:50 Uhr Pause

10:50 - 12:00 Uhr Installation von GenMAPP  
Zeichnen von Pathways mit GenMAPP  
Projektion von Microarray-Daten auf Pathways

12:00-13:00 Uhr Mittagspause

13:00-14:30 Uhr Einführung in die metabolische und Pathway-Modellierung  
Installation der Systems Biology Workbench  
Installation von Cell Designer  
SBML - Systems Biology Markup Language  
Online System-Biologie-Datenbanken

14:30-15:00 Uhr Pause

15:00-17:00 Uhr Modellanalyse mit JWS Online  
Systembiologie-Datenbanken (SBML-Modelle)  
Modell-Design mit CellDesigner und SBW  
Simulation von Knock-Out-Mutanten  
Parameterscans zur Untersuchung metabolischer Pathways  
Flux-Analysen und Steady-State-Konzentrationen

Wir veröffentlichen Installationsanleitungen für die verschiedenen Tools auf der Kurswebseite.

[http://homepages.uni-tuebingen.de/josef.maier/bioinf2\\_1008.htm](http://homepages.uni-tuebingen.de/josef.maier/bioinf2_1008.htm)

Wer möchte, kann einzelne Programme oder alle vorab auf seinem Notebook installieren und dieses dann zum Praktikum mitbringen. Perl, R, EMBOSS und das Datenbank-Webserver-System MySQL/Apache/PHP können auf Linux oder Windows installiert werden.

Falls Sie sich bereits vorab damit beschäftigen wollen, finden Sie die Installationsanleitungen des letzten Praktikums für dort verwendete Programme hier:

[http://homepages.uni-tuebingen.de/josef.maier/winter2008/installation\\_protocols\\_bioinfo1.zip](http://homepages.uni-tuebingen.de/josef.maier/winter2008/installation_protocols_bioinfo1.zip)

Diese Installations-Protokolle werden ca. 2 Wochen vor Praktikumsbeginn aktualisiert und auf der Kurswebseite veröffentlicht.

Alle Kurs- und Installationsmaterialien können im Kursraum kopiert werden (z.B. auf einen USB-Stick). Alle Materialien zusammen umfassen etwa 2 GB. Programmänderungen und eventuelle Terminänderungen werden auf der Kurswebseite bekannt gegeben und als Email-Rundbrief verbreitet. Falls sich Ihre Email-Adresse ändert, teilen Sie uns das bitte mit.