



Zentrum für MolekularBiologie der Pflanzen
Institut für Pflanzenbiochemie

Bioinformatics II: Tools for Functional Genomics

Praktikum für Biochemiker und Biologen

Sommersemester 2010

| | | |
|------------------------|---|--|
| Veranstalter | : | Priv.-Doz. Dr. Josef Maier |
| Termin | : | Fr-So, 16.7.-18.7.2010 (evtl. Terminänderung bei der Vorbesprechung) Blockveranstaltung Fr-So, jeweils 9-17 Uhr |
| Vorbesprechung: | : | Donnerstag, 22.4.2010, 19 Uhr c.t. Seminarraum II (Nordhalle) des IFIB, Hoppe-Seyler-Str. 4 |
| Ort | : | Bioinformatik-Computerraum des IFIB, 2. OG, SO-Ecke |
| Voranmeldung | : | erwünscht via e-mail an josef.maier@uni-tuebingen.de und an klaus.moeschel@uni-tuebingen.de |

Inhalt

Die funktionelle Genomik versucht experimentellen Daten über Gene, Proteine, Pathways und Reaktionskinetik zu integrieren und damit die Funktionsaufklärung von Genombestandteilen zu fördern. Vorgestellt werden Internet-Ressourcen, Datenbanken und Bioinformatik-Tools zur Gewinnung und Auswertung der Daten. Wir stützen uns dabei vor allem auf frei verfügbare öffentliche Datenbanken und "Open Source" Software. Wir werden u.a. Microarray-Expressionsdaten analysieren, statistisch bewerten und mit weiteren Daten verknüpfen. Dazu werden wir einen Arbeitsplatz aufbauen, der aus der Datenbank MySQL, der Skriptsprache Perl (mit BioPerl-Paketen), dem Softwarepaket EMBOSS, dem Grafik/Statistikpaket R und seiner für die Funktionelle Genomik entwickelten Erweiterung Bioconductor besteht. Perl und R-Skripte organisieren automatisierte Eingabe/Ausgabe-Workflows zwischen den EMBOSS- und MySQL-Datenbanken, Internet-Seiten, Excel-Tabellen, Textdateien oder PDF-Dokumenten unter Verwendung der EMBOSS-, Bioperl- und R-Methoden. EMBOSS bietet vielfältige Unterstützung zur Nucleinsäure- und Proteinanalyse (z.B. Prosite-Scan, MS-Datenanalyse), R und Bioconductor erlauben die umfangreiche statistische Auswertung und die graphisch qualitativ hochwertige Ausgabe der Daten. Die Systems Biology Workbench und CellDesigner ermöglichen die Konstruktion von Modellen und die Simulation von Signal- und metabolischen Netzwerken und ermöglichen damit z.B. die Vorhersage der Wirkungen einer Geninaktivierung oder veränderter Reaktionskonstanten.

Voraussetzung: Bioinformatik-Grundkenntnisse, Vordiplom Biologie oder Biochemie

Der Besuch des im Winterhalbjahr stattfindenden Praktikums "Bioinformatics I - Basic Tools and Resources" wird empfohlen. Weitere Informationen: <http://homepages.uni-tuebingen.de/josef.maier/> .