

Zeitplan - Bioinformatics II - Functional Genomics 16.7.2010-18.7.2010

Donnerstag, 15.7.2010 **Installation der Programme auf den Kursraum-Computern (freiwillig)**

9:00-17:00 Uhr Bei Interesse können Sie gerne mithelfen oder die Programme parallel auf Ihren eigenen Computer installieren.

Freitag, 16.7.2010 **Ressourcen, Datenbanken, MySQL und Perl**

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
Datenbank des humanen Proteoms,
Microarray-Datenbank
Komplexe Abfragen mit SQL formulieren
Auslesen von NCBI-Datenbanken mit PERL (EUtilities)

Samstag, 17.7.2010 **EMBOSS, R und Bioconductor**

9:00-10:30 Uhr Installation von EMBOSS
Einführung in die EMBOSS-Programme
Programme für Proteomics in EMBOSS
Installation lokaler EMBOSS-Datenbanken
Steuerung von EMBOSS-Programmen mit PERL
Prositate-Patternscan mit EMBOSS

10:30 -10:50 Uhr Pause

10:50-12:30 Uhr Einführung in Microarray-Datenbanken (GEO, ArrayExpress)
Proteomics-, MS und 2D-Gel-Datenbanken
Proteomics Services im Internet (MASCOT, ProteinProspector, 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, 18.7.2010 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 Ermitteln von Steady-State-Konzentrationen

Wir veröffentlichen Installationsanleitungen für die verschiedenen Tools auf der Kurswebseite.

http://homepages.uni-tuebingen.de/josef.maier/bioinf2_ss2010.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 die dort z.T. auch verwendeten Programme hier:

http://homepages.uni-tuebingen.de/josef.maier/winter2009/bioinfo1_installation_protocols.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.