

## Zeitplan - Bioinformatics I - Basic Tools and Resources

### **Donnerstag 25.2.2010**

ab 9:00 Uhr Installation und Updates der im Kurs verwendeten Software und Datenbanken. Interessierte Kursteilnehmer können sich beteiligen oder Unterstützung für die Installation auf ihren eigenen Notebooks erhalten, falls sie diese statt der Kurscomputer verwenden wollen.

### **Freitag, 26.2.2010**

9:00-10:30 Uhr Allgemeine Einführung Bioinformatik  
Die wichtigsten Bioinformatik-Zentren  
NCBI, EBI, EXPASY, GenomeNet  
Grundlagen zu Datenbanken  
Literatur, Sequenzen, Proteine, Pathways, Modelle  
Zugang zu EMBOSS-Tools innerhalb der EBI-Webseiten  
Internet-Recherche, Bookmarks, Internet-Linkliste  
Internet-Browser (Chime Plugin, RSS feeds)

10:30 -10:50 Pause

10:50-12:00 Uhr Konfiguration eines Bioinformatik-Arbeitsplatzes  
Installation der Programmiersprache Perl und der BioPerl-Pakete  
Installation eines WAMPP-Servers (Windows, Apache, MySQL, PHP, PHPMyAdmin)  
Administration der Datenbank MySQL mit PHPMyAdmin  
Erstellen einer MySQL-Datenbank des humanen Proteoms  
Programmier-Editoren Proton und Komodo Edit  
Installation von EMBOSS Übersicht über EMBOSS-Programme

12:00-13:00 Uhr Mittagspause

13:00-14:30 Uhr Programmieren mit Perl  
Einführung - Grundlegende Strukturen  
Arbeiten mit "Regulären Ausdrücken"  
Analyse von Sequenzen mit Perl-Skripten

14:30-15:00 Uhr Pause

15:00-17:00 Uhr MySQL-Datenbankabfrage und Updates mit Perl  
Datenbanken für Aminosäuren, Microarrays, Proteome  
Formulierung komplexer Abfragen mit SQL

### **Samstag, 27.2.2010**

9:00-10:30 Uhr Grundlagen von Alignments  
Datenbanksuche mit BLAST  
Lokale Installation eines NCBI-BLAST Servers  
Bedienung des BLAST-Servers mit Perl-Skripten

10:30 -10:50 Pause

10:50-12:00 Uhr Multiple Alignments mit ClustalX  
Editierung von Alignments mit Genedoc  
Phylogenetische Analyse mit PHYLIP

12:00-13:00 Uhr	Mittagspause
13:00-14:30 Uhr	Funktionsanalyse mit Profilen und Pattern Suchen nach Prosite-Pattern, Pfam, SMART, etc. Protein-Domänen-Datenbanken (Integration mit InterPro) Analyse von Sekundärstrukturen Suche nach Transmembrandomänen Auffinden von Signalsequenzen und Glykosilierungs-Sites Lokale Installation von PROSITE unter EMBOSS Scannen nach Prosite-Patterns mit PERL-Skripten und patmatmotif
14:30-15:00 Uhr	Pause
15:00-17:00	Proteinstruktur-Datenbanken Visualisierung von Proteinstrukturen Erzeugen von Ansichten mit Perl- und Rasmol-Skripten RasMol, Chime, ProteinExplorer, BallView, SwissDeepView Homologie-Modellierung mit SwissModel

### **Sonntag, 28.2.2010**

9:00-10:30 Uhr	Überblick über Ressourcen der Funktionellen Genomik Datenbanken über Genome und Proteome Annotation von Funktionen - Literatur, Genexpression, Protein, miRNA Gene Ontology, OMIM Ressourcen für das Auffinden von Genregulations-Sequenzen
10:30 -10:50	Pause
10:50 - 12:00	Ressourcen für Genexpressions-Datensets (GEO, ArrayExpress) Abfrage und Visualisierung von Microarray-Daten Überblick über Datenbanken und Analyse-Tools Überblick über R und Bioconductor
12:00-13:00 Uhr	Mittagspause
13:00-14:30 Uhr	Überblick über Ressourcen für die Proteom-Analyse Datenbanken für 2D-Gele Tools für die massenspektrometrische Proteom-Analyse EMBOSS-Programme für MS-Analysen Datenbanken für Protein-Protein-Interaktionen Enzym- und Pathway-Datenbanken (BRENDA, KEGG)
14:30-15:00 Uhr	Pause
15:00-17:00 Uhr	Ressourcen der Systembiologie Modell-Datenbanken Simulation von Stoffwechselwegen und Pathways CellDesigner, JWS Online, SBW Systems Biology Workbench