

Bioinformatik der Proteomik I

Verantwortlich: PD Dr. Martin Eisenacher

Nummer: 201911

Veranstaltungsart: Vorlesung (+Übung)

Lehrstuhl: Medizinisches Proteom-Center

Dozent(en): PD Dr. Martin Eisenacher

Arbeitsaufwand: 150 Stunden

Leistungspunkte: 5

SWS: 3

Sprache: Deutsch

Angeboten im: Wintersemester

Ziele: Die Studierenden lernen grundlegende Sachverhalte der Proteinbiochemie kennen. Außerdem werden Prinzipien der Massenspektrometrie als wichtigste Säule der Proteomik vermittelt. Hauptziel ist es, aktuelle Methoden der Bioinformatik der Proteomik zu verstehen, die zur Analyse von Rohdaten (Massenspektren) mit dem Ziel der Peptid-/Protein-Identifizierung und -Quantifizierung verwendet werden. Die Studierenden erfassen die den Methoden zugrundeliegenden algorithmischen und statistischen Ideen und lernen, wie die Methoden in der Praxis auf reale Daten und Fragestellungen angewandt werden.

Inhalt:

- Grundlagen der Proteinbiochemie
- Eigenschaften von Aminosäuren
- Grundlagen der Massenspektrometrie
- Rohdaten-Verarbeitung
- Protein-Datenbanken
- Tryptische Peptide und In silico-Verdau
- Prinzipien von Spektren-Identifizierungs-Suchmaschinen und -scores
- Beschränkung der False Discovery Rate mit dem Decoy-Ansatz
- PSM-spezifische Score-Korrektur (Percolator)
- Protein-Inferenz
- Protein-Quantifizierung
- Vorverarbeitung quantitativer Daten
- Qualitätskontrolle

Vermittelte Kompetenzen:

Kernkompetenzen:

- Selbständiges Lernen und Arbeiten
- Teamarbeit und Teamfähigkeit

Prüfungsform: mündliche Prüfung (ca. 20-30 Minuten)

Voraussetzungen: Keine

Empfohlene Vorkenntnisse: Grundlegende Programmierkenntnisse, Statistik-Grundkenntnisse

Kommentare: Weitere Informationen unter <http://www.bioinf.rub.de/msc/>

Bioinformatik der Proteomik II

Verantwortlich: PD Dr. Martin Eisenacher

Nummer: 201911

Veranstaltungsart: Vorlesung (+Übung)

Lehrstuhl: Medizinisches Proteom-Center

Dozent(en): PD Dr. Martin Eisenacher

Arbeitsaufwand: 150 Stunden

Leistungspunkte: 5

SWS: 3

Sprache: Deutsch

Angeboten im: Sommersemester

Ziele: Nach einer kurzen Zusammenfassung der wichtigsten Themen aus der VL Bioinformatik der Proteomik I (ein Vorlesungstermin) lernen die Studierenden fortgeschrittene Methoden der Bioinformatik der Proteomik kennen. Hauptziel ist es, diese weiterführenden Methoden zu verstehen, die aktuell zur Analyse von Rohdaten (Massenspektren) und Ergebnissen (Peptid-/Protein-Identifizierungen und -Quantifizierungen), sowie zu ihrer biologischen Interpretation, verwendet werden. Die Studierenden erfassen die den Methoden zugrundeliegenden algorithmischen und statistischen Ideen und lernen, wie die Methoden in der Praxis auf reale Daten und Fragestellungen angewandt werden.

Inhalt:

- De-novo Peptid-Sequenzierung
- Proteinlistenvergleich
- Open Searches
- Dark Matter of Proteomics
- SRM, MRM und PRM
- Data Independent Acquisition (DIA)
- Statistik des Vergleichs von experimentellen Gruppen
- Cross-Omics-Analysen
- Proteinexpressions-Analysen (überwachte und unüberwachte Methoden)
- Enrichment-Analysen
- Netzwerkanalysen
- Aktuelle Entwicklungen

Vermittelte Kompetenzen:

Kernkompetenzen:

- Selbständiges Lernen und Arbeiten
- Teamarbeit und Teamfähigkeit

Prüfungsform: mündliche Prüfung (ca. 20-30 Minuten)

Voraussetzungen: Keine

Empfohlene Vorkenntnisse: VL+Ü Bioinformatik der Proteomik I im Wintersemester (empfohlen, aber keine Voraussetzung), Grundlegende Programmierkenntnisse, Statistik-Grundkenntnisse

Kommentare: Weitere Informationen unter <http://www.bioinf.rub.de/msc/>