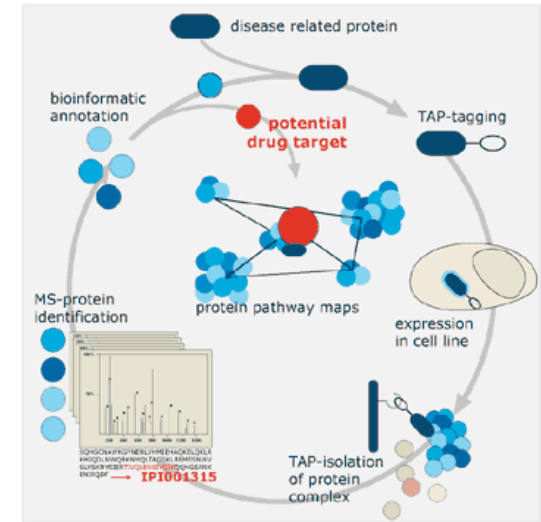


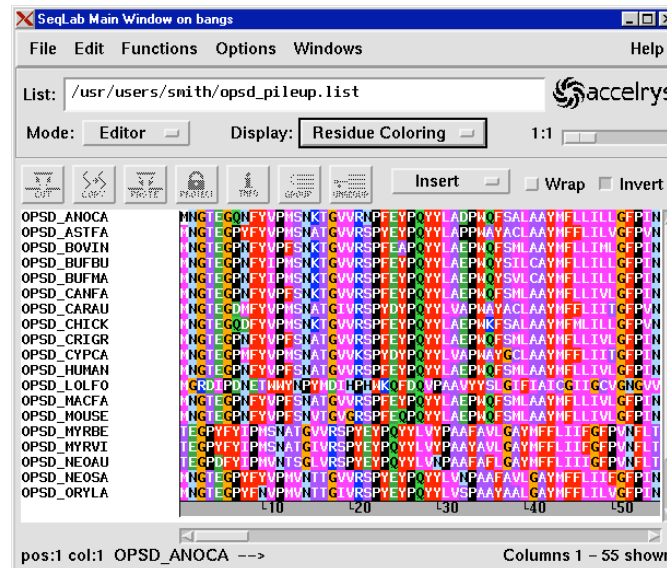
Softwarewerkzeuge der Bioinformatik

Inhalt dieser Veranstaltung: Softwarewerkzeuge kennenlernen für

- I Sequenzanalyse
- II Analyse von Proteinstruktur und Ligandenbindung
- III Zell- bzw. Netzwerksimulationen



www.cellzome.com



www.accelrys.com

„Lernziele“

Lerne **aktuelle** und **bewährte Programme** und **Datenbanken** der Bioinformatik kennen und erfolgreich einzusetzen um

- „Hands-On“ mit Web-Tools arbeiten, mit denen man bioinformatische Fragen bearbeiten kann
- zu wissen, was auf dem Markt ist („das Rad nicht zweimal erfinden“)
- ein Gefühl dafür zu bekommen, wie erfolgreiche Softwareprodukte aussehen (sollen)
- 3 Mini-Forschungsprojekte zu bearbeiten (Bioinformatiker/Biotechnologen)

Organisatorisches



Jede Woche Vorlesung

Donnerstag 10.15 – 12.00

Seminarraum 007, Geb. E 2 1

Dozent: Prof. Helms

Die Teilnahme an der Vorlesung ist nicht obligatorisch,
jedoch die Teilnahme an der Übung.

Übungen „**hands-on**“ Beginn heute am 17.10:

Donnerstag, 14:00 Uhr – 16:00 Uhr, CIP-Pool E 2 1 CIP.

Verantwortliche Betreuer der Übungen

Sequenz-Analyse

Nadine Schaadt

Proteinstruktur

Dr. Michael Hutter

Zellsimulationen

Christian Spaniol

Organisatorisches

Jeder Teilnehmer an den Übungen benötigt einen Rechneraccount für den CIP-Pool.

Biotechnologen: bitte in Liste eintragen

4. Pflichten der Benutzer

Der Benutzer verpflichtet sich,

- a) die bereitgestellten Betriebsmittel sorgfältig zu benutzen;
- b) das Passwort des ihm zugeteilten Benutzerkennzeichens geheim zu halten ...;
- ...
- d) alles zu unterlassen, was den ordnungsgemäßen Ablauf der Anlage stört;
- e) in den Arbeitsräumen sich so zu verhalten, dass andere Benutzer nicht gestört werden;
- f) Störungen ... zu melden und diese nicht auszunutzen;
- g) in den Räumen ... sowie bei Inanspruchnahme seiner Geräte ... den Weisungen des Personals des Anlagenbetreibers Folge zu leisten;
- ...
- l) lizenzierte Software nur nach Absprache mit dem jeweiligen BfR einzuspielen und zu verwenden;
- m) von der Fak6 oder der Universität des Saarlandes bereitgestellte Software, Dokumentationen oder Daten weder zu kopieren noch an Dritte weiterzugeben, sofern dies nicht ausdrücklich erlaubt ist, noch zu anderen als den erlaubten Zwecken zu verwenden,

Zugang zum CIP-Pool während der Übungsstunden.



Organisatorisches: Scheinvergabe

B.Sc. Bioinformatik und Biotechnologie M.Sc.

- Bewertung: Vorlesung zählt 2V + 2P = 9 Leistungspunkte
- Curriculum: Pflichtvorlesung für die Vertiefung „Bioinformatics“
- kann natürlich auch für CMB-Bachelor eingebracht werden
- Wahlfach Pharmazie/Diplom
- Pflichtvorlesung für bestimmte Studenten des M.Sc. Biotechnologie

Drei Mini-Projekte werden etwa alle 4 Wochen ausgegeben. Diese sind innerhalb von 2 Wochen in Teams mit 2-3 Studenten zu bearbeiten und durch einen mindestens 5-seitigen Praktikumsbericht zu dokumentieren.

Jeder Student muss mindestens zwei der drei Mini-Projekte mit einer Note von 4 und besser bestehen.

Organisatorisches: Scheinvergabe

B.Sc. Bioinformatik und Biotechnologie M.Sc.

Voraussetzung für die Teilnahme an der Abschlussklausur ist das Erreichen von mindestens 50 % der maximalen Punkte aus den drei Praktikumsberichten.

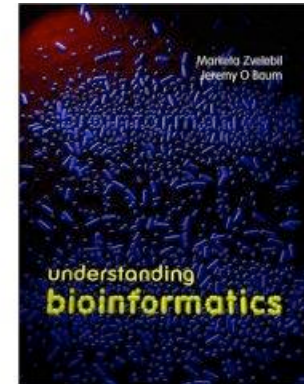
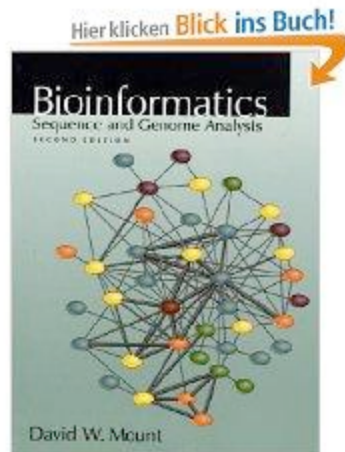
Die Veranstaltung gilt als bestanden, wenn in der abschließenden 120-minütigen Klausur über die Inhalte der Vorlesung, der Übungen und der Minipraktika mindestens die Note 4 erreicht wurde.

Für die Note des Scheins zählt das bessere Ergebnis entweder ausschließlich aus der abschließenden Klausur oder der Kombination des Durchschnitts der benoteten Praktika und der Note der Abschlussklausur, die jeweils zu 50 % gewichtet werden.

Bei Nichtbestehen der Klausur besteht die Möglichkeit einer schriftlichen oder mündlichen **Nachprüfung**. Diese findet im allgemeinen zu Beginn des darauffolgenden Semesters statt.

Literatur

David Mount
Bioinformatics
70€



Marketa Zvelebil & Jeremil O. Baum
Understanding bioinformatics, 96€

Sehr zu empfehlen:

Vorlesungsskript aus 2010 (176 Seiten)

kann von <http://gepard.bioinformatik.uni-saarland.de/teaching/ss-2011/sww-bioinformatik/script/SW10-Skript.pdf>
heruntergeladen werden.

Vorlesungsfolien ebenfalls auf

<http://gepard.bioinformatik.uni-saarland.de/teaching/ws-201213/sww-bioinformatik/>

Übersicht über Vorlesungsinhalt

I Sequenz

- 1 Einführung, Datenbanken
- 2 Paarweises Sequenzalignment
- 3 Multiples Sequenzalignments;
Phylogenie
- 4 Genvorhersage, Motivsuche

II Proteinstruktur

5. Proteinstruktur; Sekundärstruktur
6. Homologie-Modellierung

III Zellsimulationen/Netzwerke

- 6 Genexpression – Microarrays
- 7 Funktionsannotation (Gene Ontology)
- 8 Systembiologie: metabolische Pfade;
Protein-Interaktion,
Genregulationsnetzwerke
- 9 Enzymkinetik – einfache
Differentialgleichungen
- 10 Diffusionssysteme - Virtual Cell
- 11 Stochastische Effekte

Historische Entwicklung der Bioinformatik

1960'er Jahre: Entwicklung phylogenetischer Methoden

1960'er Jahre: Methoden zum Vergleich von DNA- und Proteinsequenzen

1976: erste MD-Simulation eines Proteins

1981: Smith-Waterman Algorithmus **dynamische Programmierung**

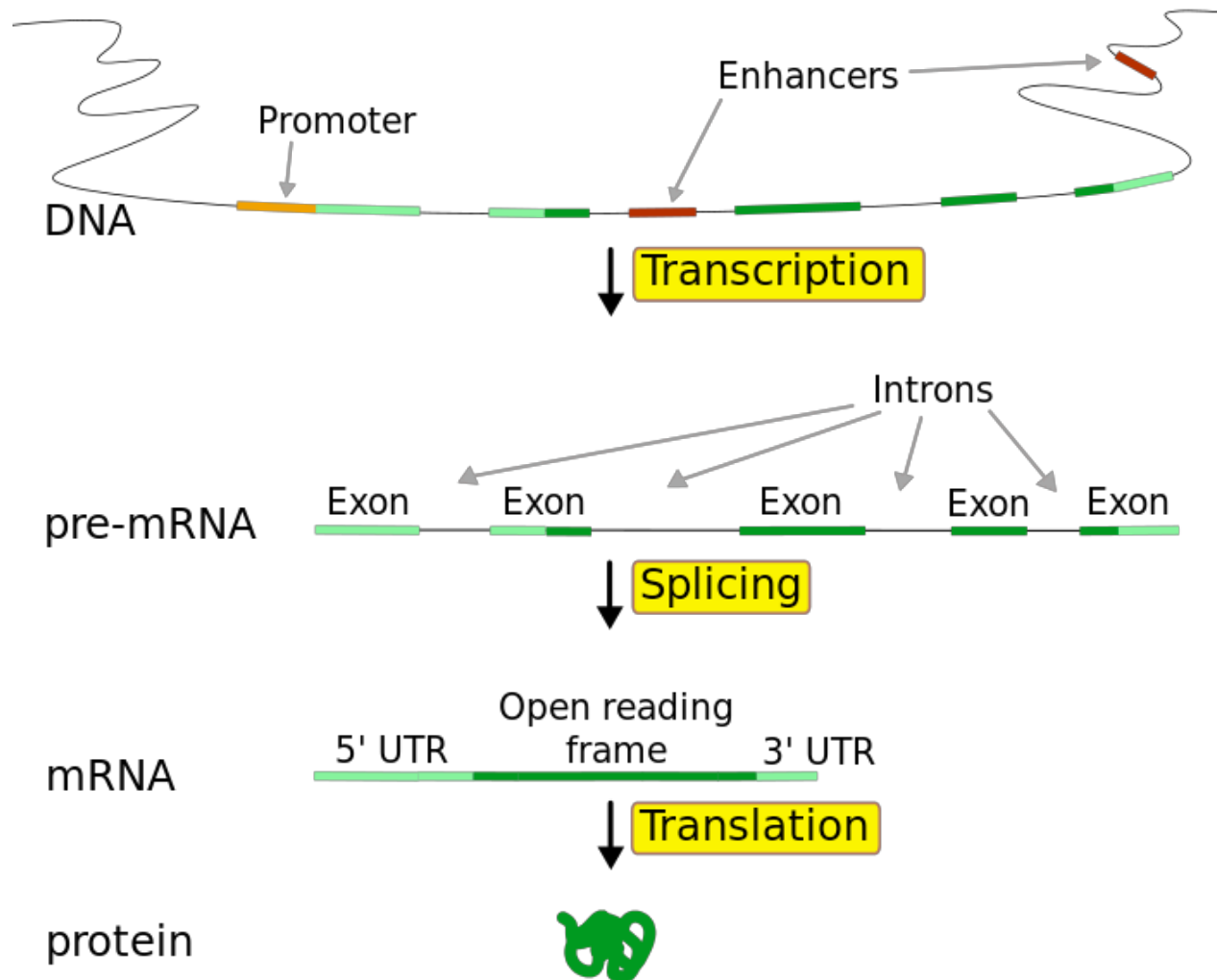
1992: Sekundärstrukturvorhersage mit Neuronalen Netzwerken (PHD)
machine learning

1996: Vergleich von Proteinstrukturen mit DALI

2000: Durchbruch bei Sequenz-Assemblierung aus Shotgun-Daten (E. Myers)

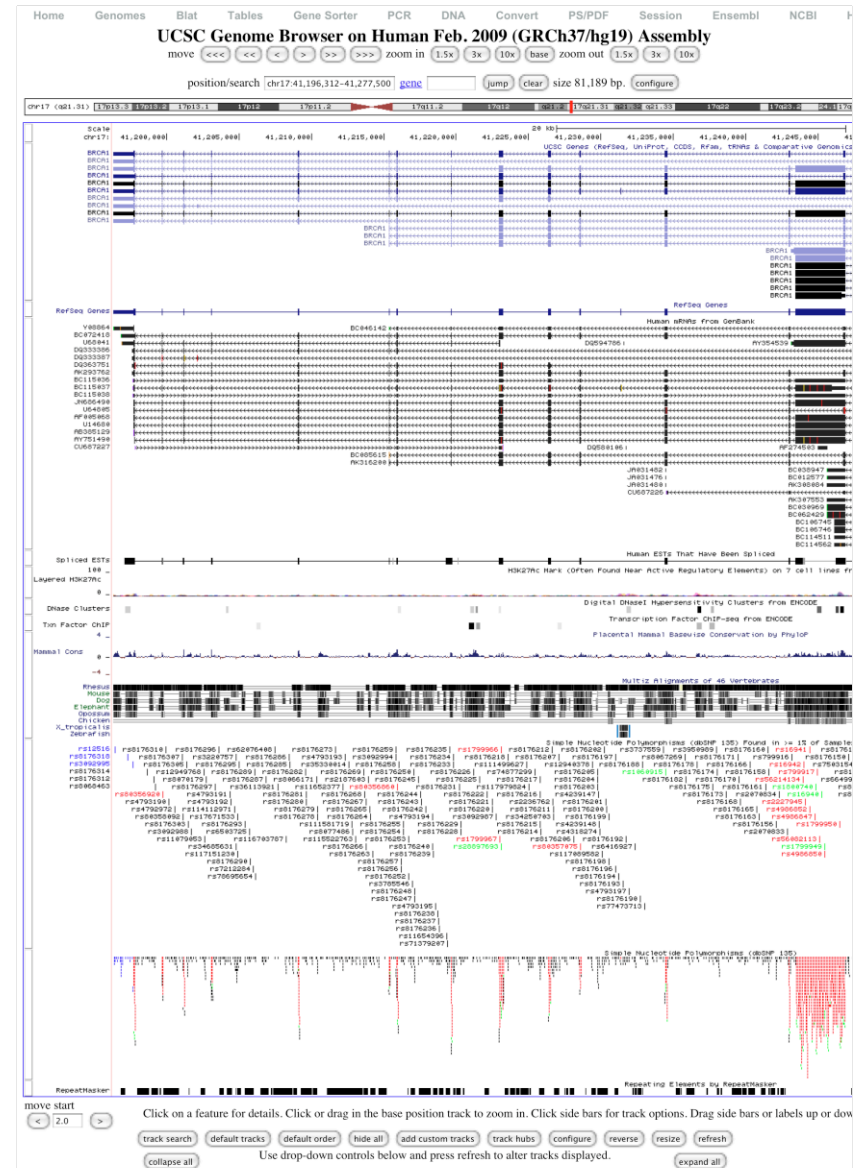
2012: ENCODE-Projekt

Die Struktur von Genen



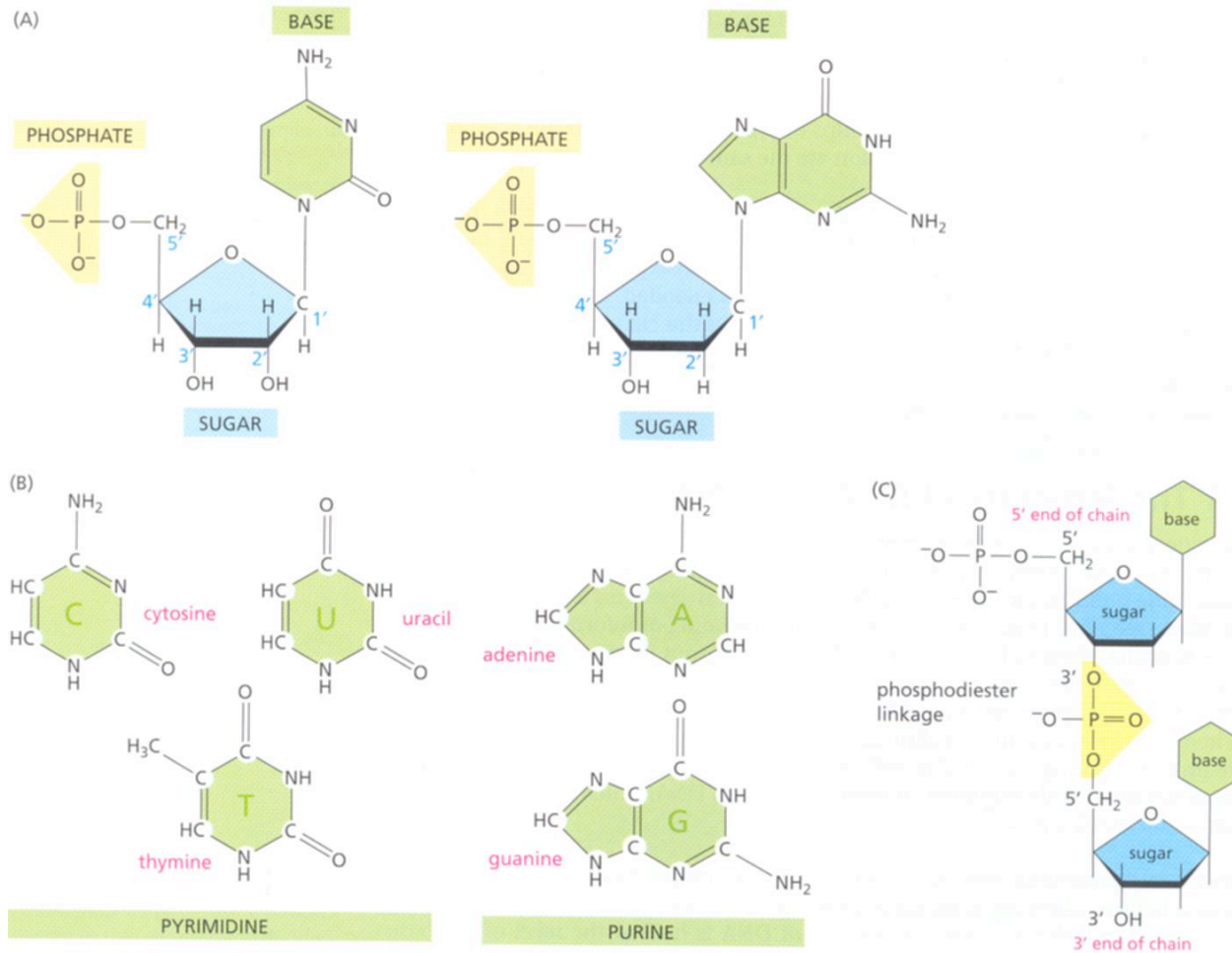
www.wikipedia.org

UCSC Genome Browser



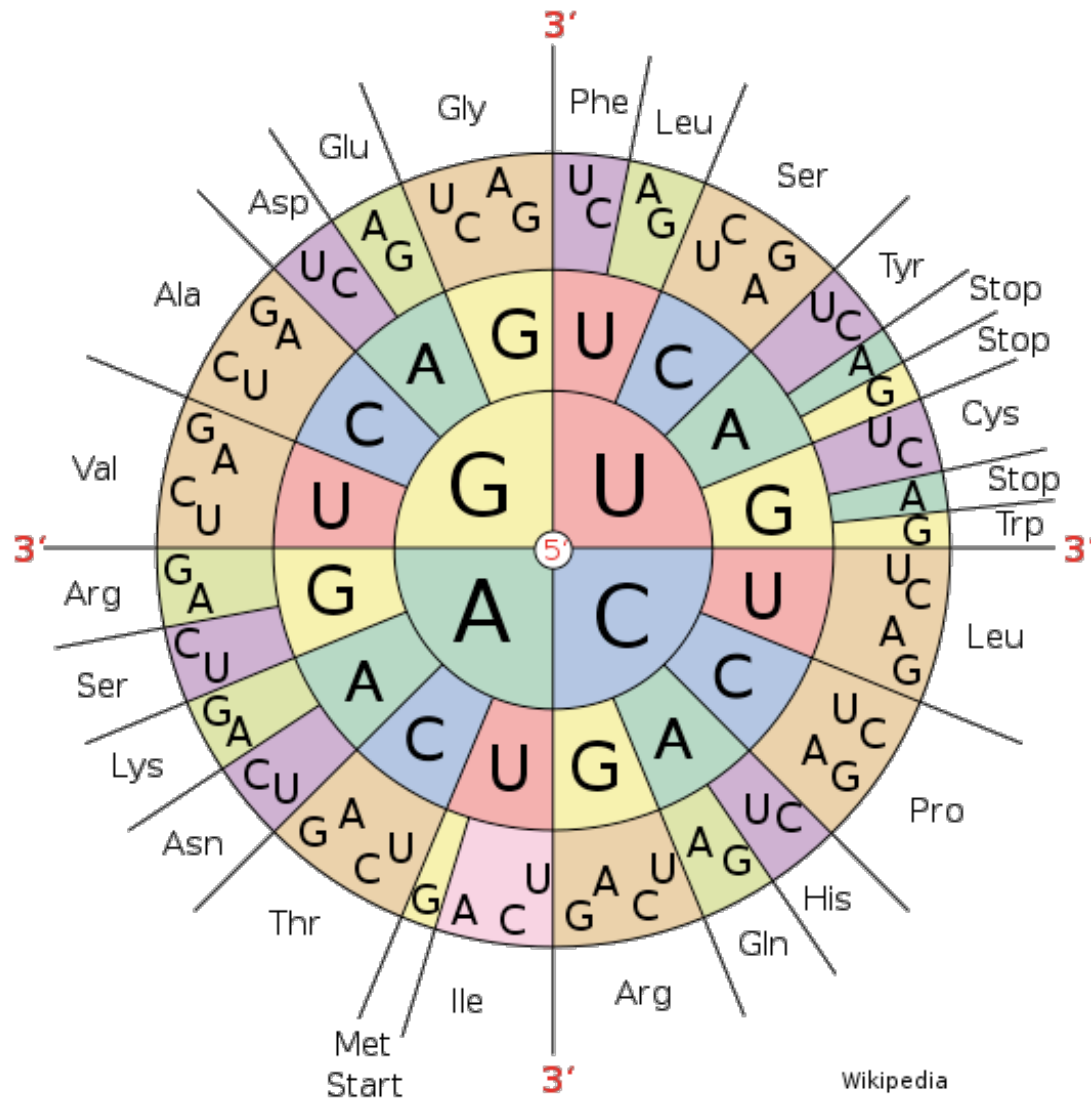
Es gibt verschiedene Assemblies
hg17, hg18, hg19 für das *humane* Genom
<http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway>

Die vier Nukleotidbasen



Zvelebil (2008)

Codonsonne

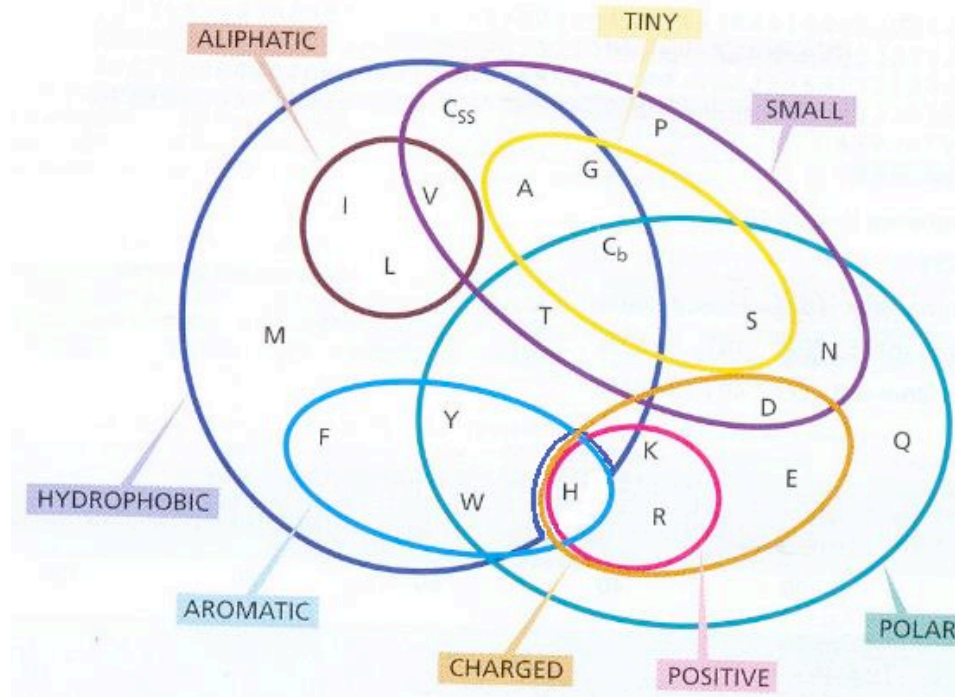


Wikipedia

Zvelebil (2008)

Eigenschaften der Aminosäuren

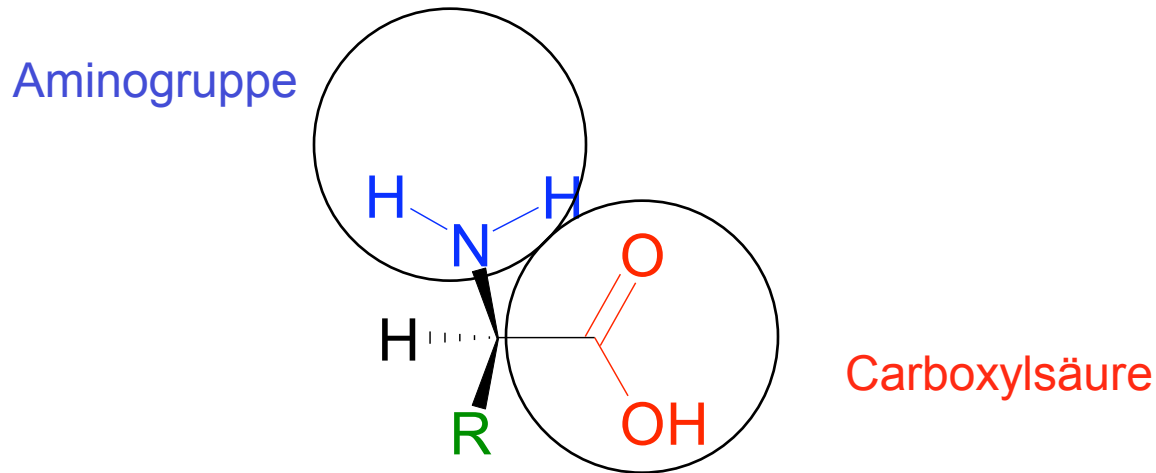
Aminosäuren unterscheiden sich in ihren physikochemischen Eigenschaften.



Q: müssen Bioinformatiker die Eigenschaften von Aminosäuren kennen?

Einleitung: Aminosäuren

Aminosäuren sind die **Bausteine** von Proteinen:



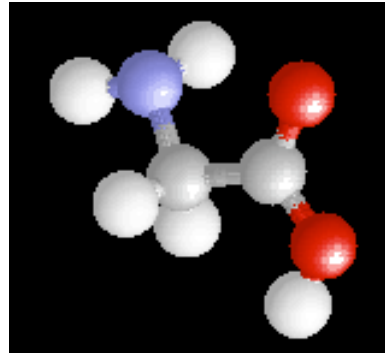
Aminosäuren unterscheiden sich hinsichtlich ihrer

- Größe
- elektrischen Ladung
- Polarität
- Form und Steifigkeit

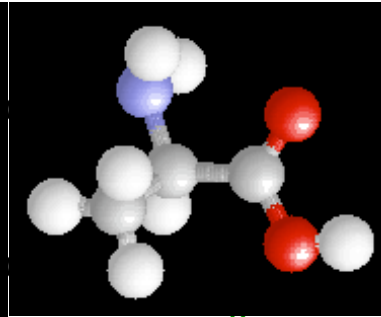
Einleitung: hydrophobe Aminosäuren

Proteine sind aus 20 verschiedenen natürlichen Aminosäuren aufgebaut

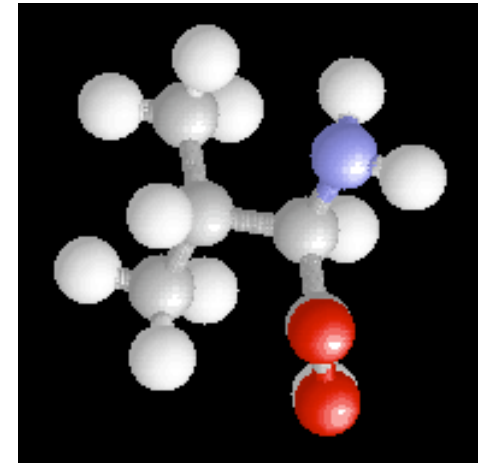
5 sind hydrophob.
Sie sind vor allem
Im Proteininneren.



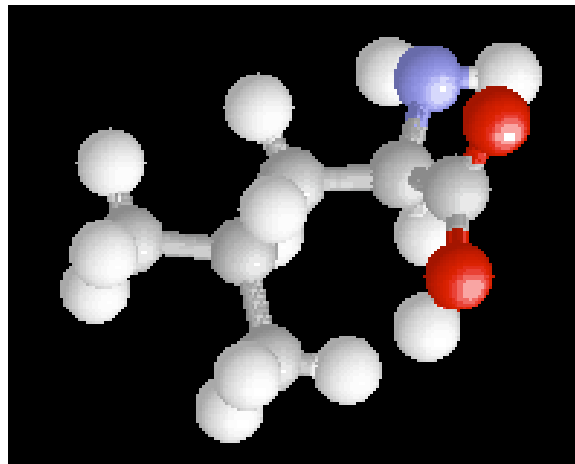
Glycine



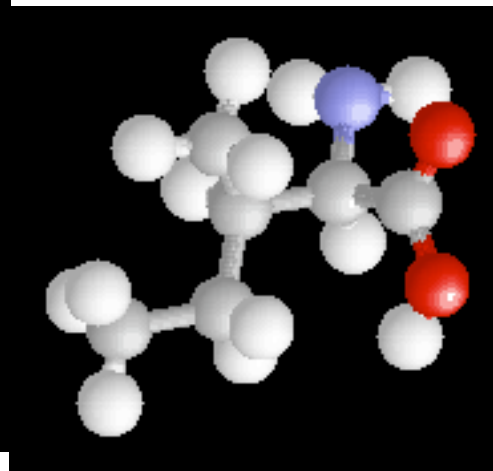
Alanine



Valine



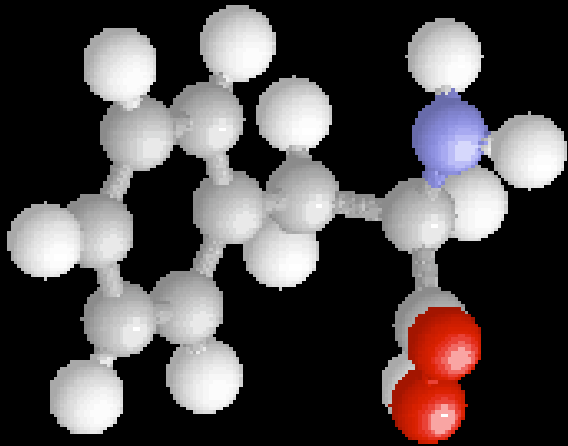
Leucine



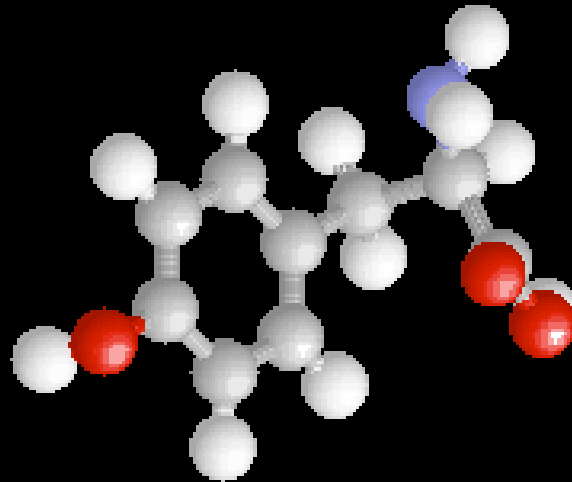
Isoleucine

Einleitung: aromatische Aminosäuren

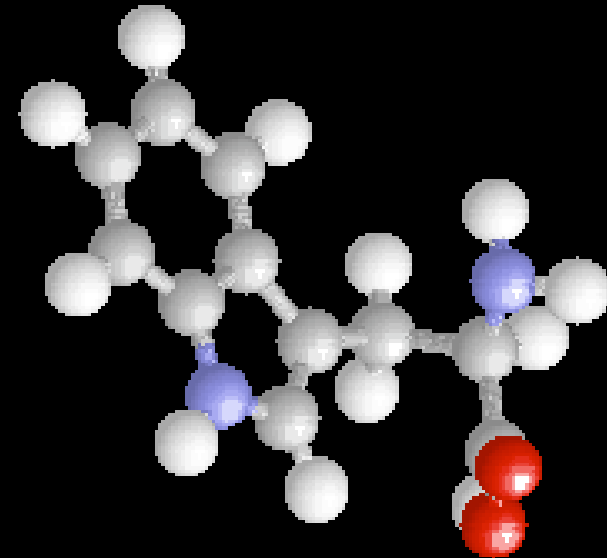
Es gibt drei voluminöse aromatische Aminosäuren. Tyrosin und Tryptophan liegen bei Membranproteinen vor allem in der Interface-region.



Phenylalanin



Tyrosin



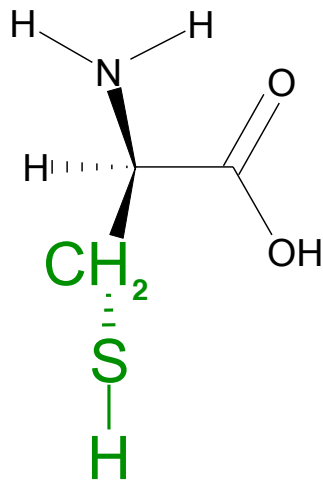
Tryptophan

Einleitung: Aminosäuren

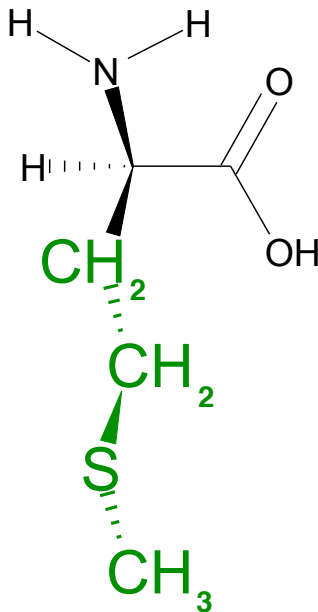
Es gibt 2 Schwefel enthaltende Aminosäuren und das ungewöhnliche Prolin.

Cysteine können Disulfidbrücken bilden.

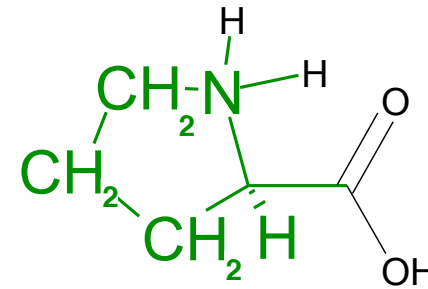
Prolin ist ein "Helixbrecher".



Cystein



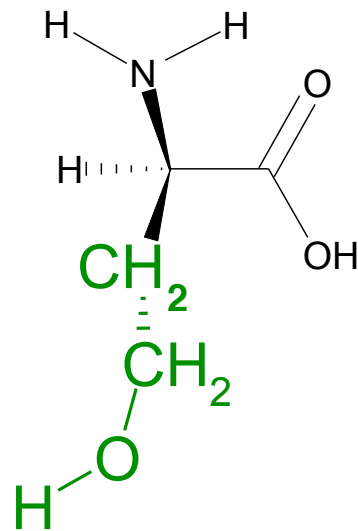
Methionin



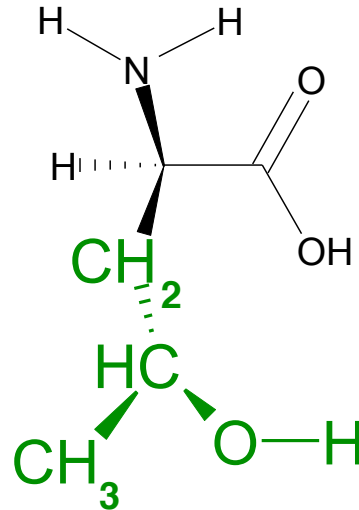
Prolin

Einleitung: Aminosäuren

Es gibt zwei Aminosäuren mit terminalen polaren Hydroxylgruppen:



Serin

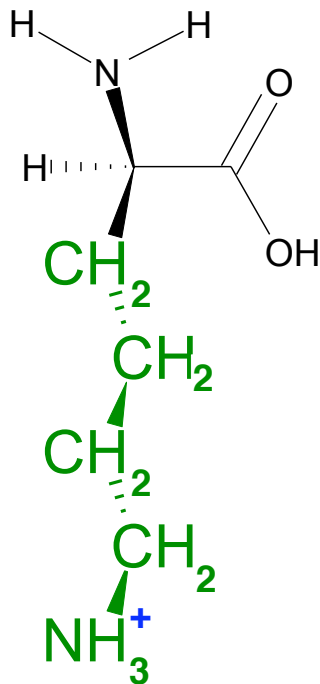


Threonin

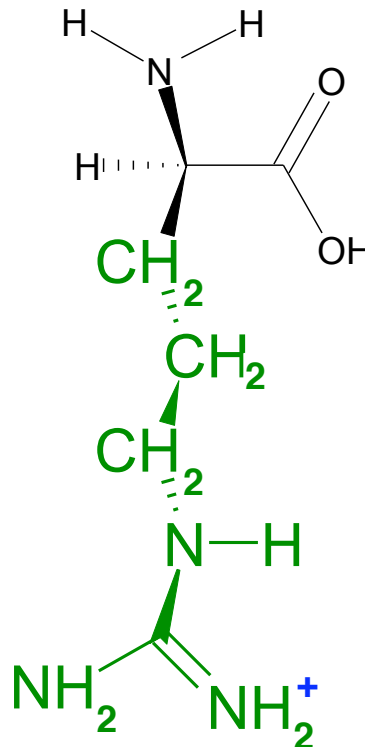
Einleitung: Aminosäuren

Es gibt 3 positiv geladene Aminosäuren. Sie liegen vor allem auf der Proteinoberflächen und in aktiven Zentren.

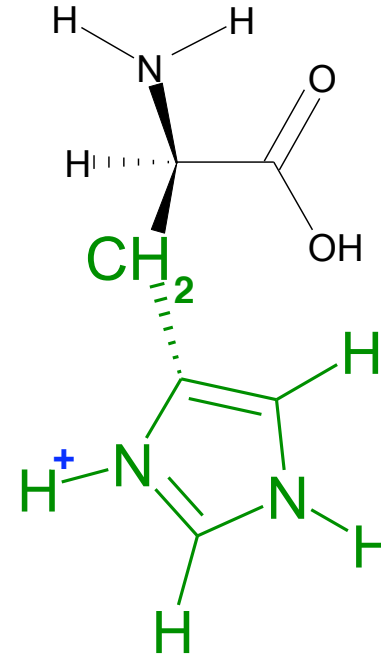
Thermophile Organismen besitzen besonders viele Ionenpaare auf den Proteinoberflächen.



Lysin



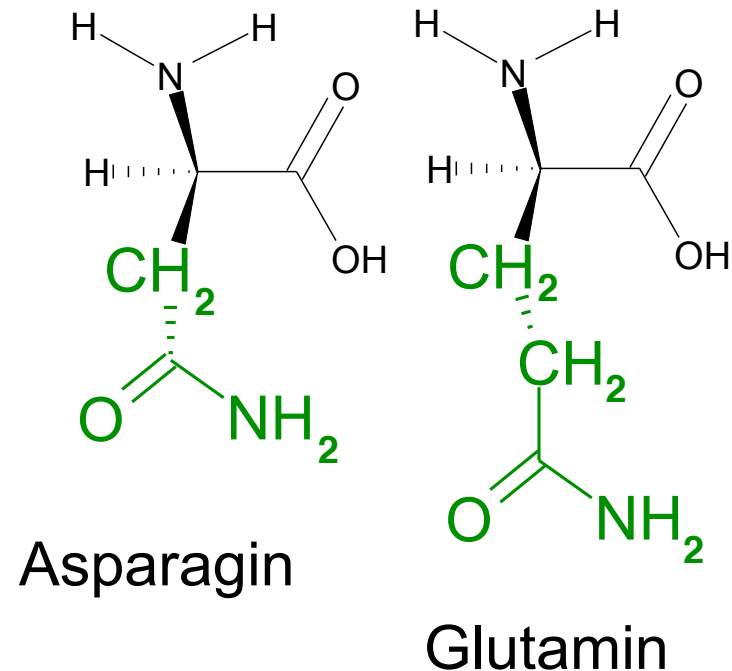
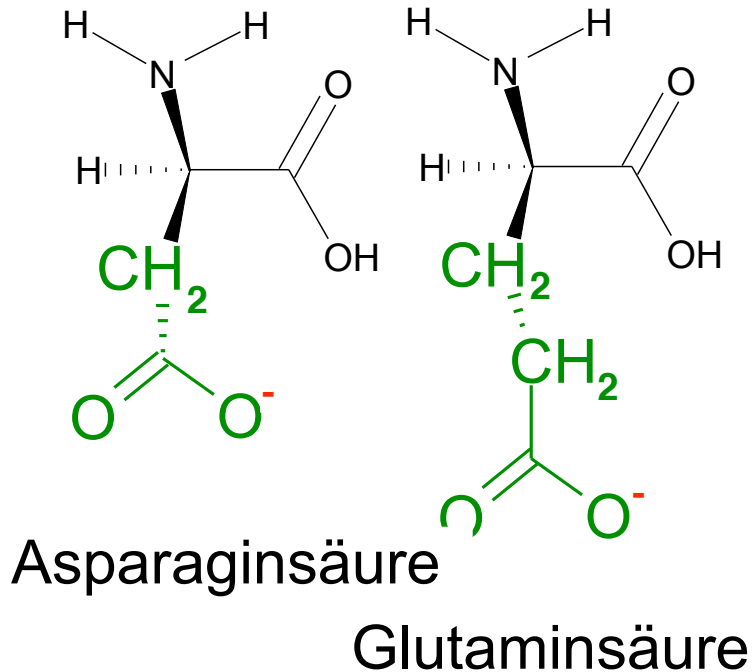
Arginin



Histidin

Einleitung: Aminosäuren

Es gibt 2 negativ geladene Aminosäuren und ihre zwei neutralen Analoga. Asp und Glu haben pK_a Werte von 2.8. Das heisst, erst unterhalb von $pH=2.8$ werden ihre Carboxylgruppe protoniert.



Buchstaben-Code der Aminosäuren

- **Ein- und Drei-Buchstaben-Codes** der Aminosäuren

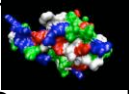
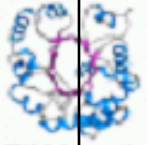
G	Glycin	Gly	P	Prolin	Pro
A	Alanin	Ala	V	Valin	Val
L	Leucin	Leu	I	Isoleucin	Ile
M	Methionin	Met	C	Cystein	Cys
F	Phenylalanin	Phe	Y	Tyrosin	Tyr
W	Tryptophan	Trp	H	Histidin	His
K	Lysin	Lys	R	Arginin	Arg
Q	Glutamin	Gln	N	Asparagin	Asn
E	Glutaminsäure	Glu	D	Asparaginsäure	Asp
S	Serin	Ser	T	Threonin	Thr

Zusätzliche Codes

B Asn/Asp **Z** Gln/Glu **X** Irgendeine Aminosäure

**Die Kenntnis dieser Abkürzungen ist essentiell für
Sequenzalignments und für Proteinstrukturanalyse!**

Datenbanktypen

primär				sekundär				
DNA-/ Nukleotid-Sequenzen 	Protein-/ Aminosäure-Sequenzen 		Protein-, DNA-Strukturen	Protein-/ Aminosäure-Sequenzen			Protein-Strukturen	
GenBank	NCBI Protein Database	Swiss Prot (Uniprot)	PDB 	PROSITE	Prints	Pfam	SCOP 	CATH

TIM barrel

- Sequenzinformationen
- zugehörige Annotationen
- Kreuzreferenzen zu anderen Datenbanken

- Analysen auf Basis der primären Datenbanken
- Klassifizierungen nach Ähnlichkeit

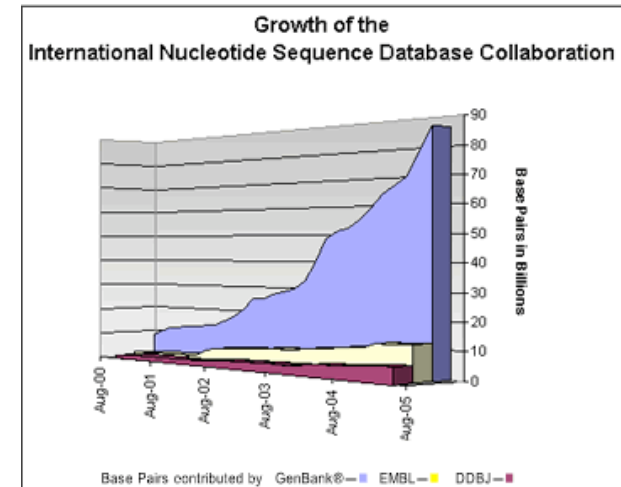
Sequenzdaten

- ~156 Mio. Nukleotidsequenzen

(Quelle: GenBank <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/GenBank/index.html>)

- 64.781 Proteinstrukturen

(Quelle: RCSB-PDB <http://www.rcsb.org>, 22.04.2010)



Einträge sind teilweise redundant, d.h. es gibt mehrere Versionen derselben Sequenz/Struktur



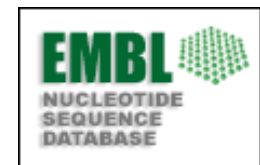
NCBI DNA-Datenbank

National Center for Biotechnology Information
National Library of Medicine National Institutes of Health



GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>)

- öffentliche Nukleotid-Sequenzdatenbank
- ~156 Mio. Sequenzeinträge, mehr als 254 Gigabasen
- fast jeder kann Sequenzen einreichen
- Mindestlänge der eingereichten Sequenzen: 50 bp
- jeder Eintrag bekommt eine eindeutige *Accession Number*
- wird alle 24h gegen EMBL-Bank (EMBL Nucleotide Sequence Database, <http://www.ebi.ac.uk/>) und DDBJ (DNA DataBank of Japan, <http://www.ddbj.nig.ac.jp/>) synchronisiert
- redundant



NCBI Protein-Datenbank



NCBI Protein Database (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)

- öffentliche, primäre Protein-Sequenzdatenbank
- Zusammenstellung aus den folgenden Protein-Sequenzdatenbanken:
 - UniProtKB
 - PIR (Protein Identification Resources)
 - PDB (Protein Data Bank, Strukturen)
 - Proteintranslationen der GenBank-Datenbank
 - und weiteren
- redundant
- Vorteil: Links zu Original-Datenbanken

(<http://www.expasy.org/sprot/>)

- *Universal Protein Resource Knowledge Base*
- öffentliche, primäre Proteinsequenz-Datenbank
- “nur” 516.603 Einträge (22.04.2010)
- wichtigste Sammlung von Proteinsequenzen:
 - Daten stammen aus der Datenbank TrEMBL (*translated* EMBL)
 - manuell überprüft; manuelle Annotationen von Experten
 - nicht redundant
 - Querverweise zu Funktionsbeschreibung, Domänenstruktur, posttranslationalen Modifikationen und ~60 anderen Datenbanken
- UniProtKB/TrEMBL enthält Einträge, die noch nicht in UniProtKB/Swiss-Prot aufgenommen wurden



Webinterface: Entrez



Datenbank
wählen

melbiase - Protein Results - Mozilla Firefox

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=protein&cmd=search&term=melbiase

NCBI

Search Protein for melbiase

Display Summary Show 20 Sort by Relevance Send to

All: 866 Bacteria: 366 RefSeq: 306 Related Structures: 654

Items 1 - 20 of 866

1: NP_822252 Reports
melbiase [Streptomyces avermitilis MA-4680]
gi|29827618|ref|NP_822252.1|[[29827618]

2: CAA69852 Reports
alpha-galactosidase; melbiase [Thermoanaerobacter ethanolicus ATCC 33223]
gi|2920686|emb|CAA69852.1|[[2920686]

3: NP_189269 Reports
glycosyl hydrolase family protein 27 / alpha-galactosidase family protein / melbiase family protein [Arabidopsis thaliana]
gi|30688284|ref|NP_189269.2|[[30688284]

4: AAA34770 Reports
pre-alpha galactosidase (melbiase)
gi|171926|gb|AAA34770.1|[[171926]

5: AAO78237 Reports
alpha-galactosidase (melbiase) [Bacteroides thetaiotaomicron VPI-5482]
gi|29340445|gb|AAO78237.1|[[29340445]

6: AAO77957 Reports
alpha-galactosidase (melbiase) [Bacteroides thetaiotaomicron VPI-5482]
gi|29340163|gb|AAO77957.1|[[29340163]

7: XP_001315888 Reports
Melbiase family protein [Trichomonas vaginalis G3]
gi|123456302|ref|XP_001315888.1|[[123456302]

Fertig

Stichwort,
hier Name
des Proteins

Detaillierte Suche bei Entrez

Protein Result - Mozilla Firefox

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez

Search Protein for melibiase "bacillus subtilis" [ORGN] Go Clear Save Search

Display Summary Show 20 Sort by Relevance Send to

All: 1 Bacteria: 1 RefSeq: 0 Related Structures: 1

1: [O34645](#) Reports BLink, Conserved Domains, Links

Alpha-galactosidase (Melibiase)

gi|3912990|sp|O34645|AGAL_BACSU[3912990]

Fertig

Suche nach dem Protein Melibiase in genau diesem Organismus

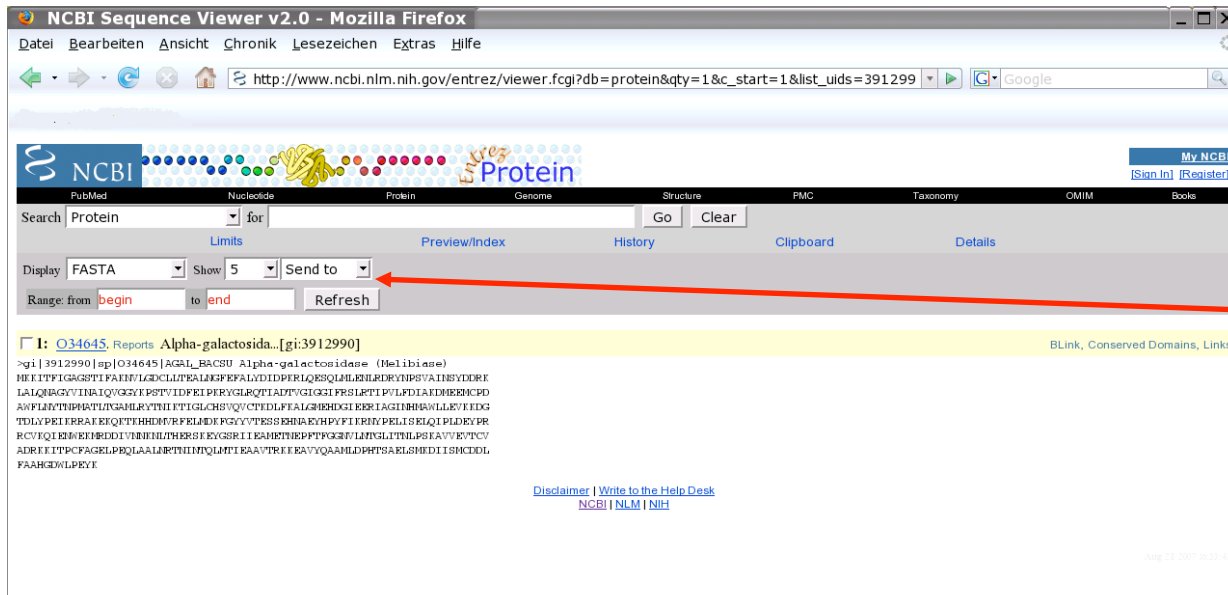
weitere nützliche Beschränkungen:

- [ACCN]: Accession Number
- [KYWD]: Stichwort zur Funktion etc.
- X:Y [SLEN]: Sequenzlänge zwischen X und Y
- [TITL]: Wort muß im Titel des Eintrags stehen
- [AUTH]: Name des Autors bei Suche nach einer Publikation in PubMed (elektronische Zeitschriftenbibliothek)
- logische Verknüpfungen mit NOT, OR
 - AND als automatische Voreinstellung

Eintrag bei NCBI Protein Database

```
-----  
/gene="melA"  
/locus_tag="BSU30300"  
/region_name="Glyco_hydro_4"  
/note="Family 4 glycosyl hydrolase; pfam02056"  
/db_xref="CDD:65802"  
  
Region  
3..162  
/gene="melA"  
/locus_tag="BSU30300"  
/region_name="Ldh_L_I"  
/note="lactate/malate dehydrogenase, NAD binding domain.  
L-lactate dehydrogenases are metabolic enzymes which  
catalyse the conversion of L-lactate to pyruvate, the last  
step in anaerobic glycolysis; pfam00056"  
/db_xref="CDD:79437"  
  
Site  
148  
/gene="melA"  
/locus_tag="BSU30300"  
/site_type="binding"  
/inference="non-experimental evidence, no additional  
details recorded"  
/note="Substrate (By similarity)."  
  
Site  
169  
/gene="melA"  
/locus_tag="BSU30300"  
/site_type="metal-binding"  
/inference="non-experimental evidence, no additional  
details recorded"  
/note="Manganese (By similarity)."  
  
Site  
170  
/gene="melA"  
/locus_tag="BSU30300"  
/site_type="active"  
/inference="non-experimental evidence, no additional  
details recorded"  
/note="Proton donor (By similarity)."  
  
Site  
199  
/gene="melA"  
/locus_tag="BSU30300"  
/site_type="metal-binding"  
/inference="non-experimental evidence, no additional  
details recorded"  
/note="Manganese (By similarity)."  
  
ORIGIN  
1 mdkittfigag stfaknvg dclltealg fefalydidp krlgesqlnl enlrdrynp  
61 vainnydkrk lalnagayvi naigvggypk stvidfeipk ryglrtiad tvigigifra  
121 lrtipvfdi akdneemcpd aeflntnnp atltganlyr tniktiglch svqvtcdlf  
181 kalgmhdkgi eeriaqinlm aellekdkd tdlpeikrr akewgktklh dmorfelndk  
241 fgyvtesse hnaeghypti krnypelise lqipldeyr rcvqienwe kmaddivnnk  
301 nltherskey garieamet nepfffgnv lntglitnlp skavvetev adrkkitpcf  
361 agelpelaa lntnintgl ntieavtrk keavyqaanl dghtseelan kdiismcdl  
421 fadghdlpe yk  
//  
Fertig
```

Fasta-Format



Umstellung der Anzeige, Beschränkung auf bestimmten Abschnitt der Sequenz, ...

>DNA-Sequenz-Bezeichnung
ACGT

....

>Protein-Sequenz-Bezeichnung
ACDEFGHIKLMNPQRSTVWY

....



(<http://bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/>)

- sekundäre Protein-Datenbank
- 2.000 Einträge und 11.849 Motive (14.1.2010)
- Fingerabdruck (*fingerprint*): Gruppe von konservierten Motiven
- mehrere funktionelle Bereiche (Faltung, Ligandenbindung, Komplexbildung, ...) -> mehrere Sequenzmotive für ein Protein
- Motive aus kurzen lokalen Alignments
 - Abstände zwischen Motiven und Reihenfolge spielen keine Rolle
 - spezifisch für individuelle Proteine
 - keine Zusammenfassung zu gemeinsamem Motiv

Finger-PRINTS

==SPRINT==> Query Results - Mozilla Firefox

Datei Bearbeiten Ansicht Chronik Lesezeichen Extras Hilfe

http://www.bioinf.manchester.ac.uk/cgi-bin/dbbrowser/sprint/searchprintss.cgi?display_opts=Pi

Final Motifs

Motif 1 width=16					
Element	Segn Id	St	Int	Rpt	
SVVVAAGGSTFPQEV	GLVG_RCOLI	5	5	-	
STVIAGGSGTTPGIV	GLVG_BACSU	7	7	-	
KITFIAGGSTIFVHI	AGAL_RCOLI	6	6	-	
KITFIAGGSTIFAKIV	AGAL_BACSU	3	3	-	
KVVTIGGSGSTPRL	CHLF_RCOLI	6	6	-	
KIVTIGGSGSTPRLV	CHLF_BACSU	6	6	-	
SILIAGGSGTTPGII	HALM_FUSHE	5	5	-	
KIAYIGGSGGVARSL	LELD_BACSU	11	11	-	

Motif 2 width=17					
Element	Segn Id	St	Int	Rpt	
ALSAADIVIIISILPGSL	LELD_BACSU	76	49	-	
ALEDADPVVYAPIGGY	AGAL_RCOLI	75	53	-	
AFPTDVFVNAHIVGKY	HALM_FUSHE	74	53	-	
ALEDADPVVYAPIGGY	CHLF_RCOLI	77	55	-	
AFSDVDFVNAHIVGKY	GLVG_RCOLI	74	53	-	
AFPTDVFVNAHIVGKY	GLVG_BACSU	76	53	-	
ALEDADPVVYAPIGGY	CHLF_BACSU	77	55	-	
ALQHAGVVIIHAIVGGY	AGAL_BACSU	72	53	-	

Motif 3 width=14					
Element	Segn Id	St	Int	Rpt	
LDRKIPILYGVVGG	GLVG_BACSU	97	4	-	
LDRKIPILRHGVVGG	HALM_FUSHE	95	4	-	
LDRKIPILRHGVVGG	GLVG_RCOLI	95	4	-	
TDREYCHRHGLEQT	AGAL_RCOLI	97	5	-	
LDRKIPILRHGVVGG	CHLF_RCOLI	98	4	-	
LDRKIPILYGVVGG	CHLF_BACSU	98	4	-	
IDFKIPKYGLEQT	AGAL_BACSU	94	5	-	
VDVHLPRKGIYQS	LELD_BACSU	97	4	-	

Motif 4 width=21					
Element	Segn Id	St	Int	Rpt	
DTGPGGIIHGLRAVPFAFI	LELD_BACSU	113	2	-	
RTGPGGIIAYGHRGIGGVIGL	HALM_FUSHE	109	0	-	
RTGPGGIIAYGHRGIGGVLEL	GLVG_RCOLI	109	0	-	
RTGPGGIIAYGHRGIGGVLEI	GLVG_BACSU	111	0	-	
DTGPGGIIHRALETPHLOQI	AGAL_RCOLI	113	2	-	
RTGPGGIIHRALETPHLOQI	CHLF_BACSU	112	0	-	
DTGPGGIIHRALETPHLOQI	AGAL_BACSU	110	2	-	
RTGPGGIIHRALETPHLOQI	CHLF_RCOLI	112	0	-	

Motif 5 width=18					
Element	Segn Id	St	Int	Rpt	
PDAWHLYSHIPAAIVARA	GLVG_BACSU	140	8	-	
PDAWHLYSHIPAAIVARA	GLVG_RCOLI	138	8	-	
PDAWHLYSHIPAAIVARA	AGAL_RCOLI	142	8	-	
PDAWHLYSHIPAAIVARA	AGAL_BACSU	139	8	-	
PDAWHLYSHIPAAIVARA	HALM_FUSHE	138	8	-	
PDAWHLYSHIPAAIVARA	CHLF_RCOLI	141	8	-	
PDAWHLYSHIPAAIVARA	CHLF_BACSU	141	8	-	

Suchen: tetL Abwärts Aufwärts Hervorheben Groß-/Kleinschreibung Das Seitenende wurde erreicht, Suche vom Seitenanfang fortg

Fertig

Pfam – Protein-Familien-Datenbank



(<http://pfam.sanger.ac.uk/>)

- sekundäre Protein-Datenbank
- 74% aller Proteinsequenzen haben mindestens einen Pfam-Eintrag
- Profile = funktionell interessante Domänen
- Profil: Auftrittswahrscheinlichkeiten bestimmter Aminosäuren an bestimmten Positionen in Form einer Matrix
- Pfam-A: genau untersuchte Profile aus multiplen Alignments, teilweise manuelle Alignments, >8000 Familien
- Pfam-B: automatisch generierte Profile: mehr Sequenzen, aber weniger präzise

Ausblick

Übungen heute Nachmittag

Bioinformatik-Software muss man hands-on kennenlernen.

Im Tutorial zeigen wir Ihnen den Umgang mit weit verbreiteter Bioinformatik-Software.

Das Tutorial ist genauso wichtig wie die Vorlesung!

In wenigen Wochen sollen Sie mit diesen Tools in einer kleinen Gruppe ein Mini-Forschungsprojekt bearbeiten. Also passen Sie bitte gut auf ... 😊