

<b>V488</b>		<b>Molekulare Evolution</b>		
		<b>Molecular Evolution</b>		
<b>Modulverantwortliche/r</b> Prof. Dr. Laura Rose (laura.rose@hhu.de)				
<b>Dozentinnen/Dozenten</b> Prof. Dr. Laura Rose (laura.rose@hhu.de) Thorsten Klösges (thorsten.kloesges@hhu.de)				
<b>Modulorganisation</b> Prof. Dr. Laura Rose (laura.rose@hhu.de)				
<b>Arbeitsaufwand</b> 270 h	<b>Leistungspunkte</b> 9 CP	<b>Kontaktzeit</b> 120 h	<b>Selbststudium</b> 150	<b>Dauer</b> 1 Semester
<b>Lehrveranstaltungen</b> Vorlesung: 2 SWS Übung: 6 SWS		<b>Häufigkeit des Angebots</b> Sommersemester		<b>Gruppengröße</b> 14 Studierende
<b>Lernergebnisse/Kompetenzen</b> Die Studierenden können die grundlegenden Konzepte der molekularen Evolution beschreiben. Die Studierenden können selbstständig größere Datenmengen in Tabellenkalkulations- und Statistikprogrammen auswerten. Die Studierenden können ihre Ergebnisse mittels Primärliteratur und Sekundärliteratur diskutieren.				
<b>Lehrformen</b> Vorlesung, Diskussionen, Praktische Übungen im Computerlabor				
<b>Inhalte</b> <u>Vorlesung:</u> Es werden die grundlegenden Aspekte der molekularen Evolution abgedeckt. Dies umfasst Proteinsequenzevolution, Nukleotidsequenzevolution, die molekulare Uhr, relative-rate-Test, die Neutrale Theorie, die fast Neutrale Theorie, Ursprung und Evolution von Genfamilien und populationsgenetische und phylogenetische Methoden. Den Studierenden werden die verschiedenen Formen der natürlichen Selektion wie gerichteter, balancierter und negativer Selektion aufgezeigt und sie werden in den fortschrittlichsten Methoden zur Identifikation natürlicher Selektion und Genomevolution unterrichtet. Diese Themen werden intensiviert durch das Lesen von Primärliteratur und deren Diskussion während der Vorlesung.  <u>Übung:</u> Die Übungen finden im Computerlabor statt und die Studierenden wenden die Methoden aus der Vorlesung in praktischen Aufgaben an. Sie lernen, wie man öffentliche Sequenzdatenbanken, wie z.B. NCBI, benutzt, um DNA- oder Proteinsequenzen zu finden und herunter zu laden. Sie nutzen frei verfügbare Software um Alignments dieser Sequenzen zu erstellen. Damit werden populationsgenetische Analysen mit der Software DnaSP und phylogenetische Analysen mit den Programmen PAUP und Mr. Bayes durchgeführt. Zum Abschluss des Kurses präsentieren die Studierenden die Resultate ihrer Analysen.				
<b>Teilnahmevoraussetzungen</b> <b>Formal:</b> Alle Module des Grundstudiums (1. – 4. Sem.) müssen absolviert sein <b>Inhaltlich:</b>				
<b>Prüfungsformen</b> Schriftliche Prüfung (70%), Referat über Ergebnisse (30%)				
<b>Voraussetzungen für die Vergabe der Leistungspunkte für dieses Modul</b> regelmäßige Teilnahme an den Übungen, mindestens ausreichend bewerteter Vortrag und bestandene Modulklausur				

<b>Zuordnung zum Studiengang</b> Bachelor Biologie, Bachelor Quantitative Biologie ,Bachelor Biologie <sup>PLUS International</sup>
<b>Verwendung des Moduls in anderen Studiengängen</b> –
<b>Stellenwert der Note für die Endnote</b> Die Note fließt, entsprechend der Kreditpunkte (CP) gewichtet, in die Gesamtnote ein. (B.Sc. Biologie 9/155.5 CP; B. Sc. Quantitative Biologie 9/223 CP; B.Sc. Biologie <sup>PLUS International</sup> 9/171.5 CP)
<b>Unterrichtssprache</b> Englisch und Deutsch
<b>Sonstige Informationen</b> Das Modul wird zentral vergeben.