

M4449	Genomanalyse für Masterstudierende			
	Advanced genome analysis			
Modulverantwortliche/r Prof. Dr. William Martin (bill@hhu.de)				
Dozentinnen/Dozenten Prof. Dr. William Martin, Dr. Mayo Röttger				
Modulorganisation Dr. Mayo Röttger (mayo.roettger@hhu.de)				
Arbeitsaufwand 420 h	Leistungspunkte 14 CP	Kontaktzeit 300 h	Selbststudium 120 h	Dauer 1 Semester
Lehrveranstaltungen Praktikum: 18 SWS Vorlesung: 2 SWS		Häufigkeit des Angebots Jedes Sommersemester		Gruppengröße 18 Studierende
<p>Lernergebnisse/Kompetenzen</p> <p>Die Studierenden können Fragestellungen der modernen Genomforschung darstellen. Sie können verschiedene Methoden zur Analyse von molekularen Sequenzdaten einander gegenüberstellen und auf Fragestellungen der Evolutionsforschung anwenden. Die Studierenden können evolutionäre Hypothesen kritisch kommentieren und eigene Methoden zu deren Aufklärung entwickeln und implementieren.</p> <p>Dazu kennen sie die gängigen Programme zum Umgang mit molekularen Sequenzdaten und deren Funktionsweise. Sie beherrschen den Umgang mit biologischen Datenbanken. Sie können gezielte Suchanfragen stellen und die Ergebnisse interpretieren. Die Studierenden können verschiedene Programme zur phylogenetischen Rekonstruktion evolutionärer Zusammenhänge auf Sequenzdaten anwenden und die Ergebnisse kommentieren. Sie können die Programmiersprache Perl anwenden und wiederkehrende Arbeitsabläufe automatisieren. Sie implementieren eigenständig Algorithmen, um aus großen Datenmengen relevante Informationen zu extrahieren und weiter zu verarbeiten. Arbeitsabläufe zur Lösung evolutionsbiologischer Fragestellungen können erarbeitet und basierend auf der Programmiersprache Perl implementiert und kritisch kommentiert werden.</p>				
<p>Lehrformen</p> <p>Vorlesung oder seminaristischer Unterricht mit praktischen Übungen</p>				
<p>Inhalte</p> <p>Bedienung und Arbeitsweise von Programmen und Programmpaketen zur Analyse molekularer Sequenzdaten (BLAST, Alignment, phylogenetische Bäume und Netzwerke, Bootstrapping)</p> <p>Abruf und Auswertung von Information in biologischen Datenbanken.</p> <p>Einführung in das Betriebssystem Linux und die Kommandozeile.</p> <p>Einführung in die Programmiersprache Perl (Syntax, Datenstrukturen, Kontrollstrukturen, Lesen, Schreiben und Bearbeiten von Sequenzdateien).</p> <p>Aktuelle Methoden der Genomanalyse.</p> <p>Untersuchungen zu Fragestellungen der Evolutionsbiologie mit innovativen Techniken aus der Genomforschung.</p>				

<p>Der Kurs vermittelt sowohl theoretische Hintergrundinformationen als auch praktische Fähigkeiten. Die Studierenden führen praktische Übungen durch und diskutieren die Ergebnisse.</p> <p>Weitere Informationen sind unter folgender Internetseite verfügbar:</p> <p>http://www.molevol.hhu.de/unsere-lehre/bioinformatik/m-modul-x-advanced-genome-analysis-ss.html</p>
<p>Teilnahmevoraussetzungen</p> <p>Formal: Zulassung zum Studiengang</p> <p>Inhaltlich: Keine</p>
<p>Prüfungsformen</p> <p>(1) Kompetenzbereich Wissen (50% der Note): schriftliche Prüfung über die Inhalte der Vorlesung und des Praktikums</p> <p>(2) Kompetenzbereich Anwendung des erworbenen Wissens (50% der Note): Absolvierung praktischer Aufgaben</p>
<p>Voraussetzungen für die Vergabe der Leistungspunkte für dieses Modul</p> <p>(1) Regelmäßige und aktive Teilnahme am Modul</p> <p>(2) Bestehen des Kompetenzbereichs Wissen</p> <p>(3) Bestehen des Kompetenzbereichs Anwendung des erworbenen Wissens</p>
<p>Zuordnung zum Studiengang/Schwerpunkt (Major- nur im Masterstudiengang)</p> <p>Master Biologie, Major: Bioinformatik/Quantitative Biologie und Evolution/Genetik</p>
<p>Verwendung des Moduls in anderen Studiengängen</p> <p>Keine</p>
<p>Stellenwert der Note für die Endnote</p> <p>Die Note fließt entsprechend der Leistungspunkte (CP) prozentual in die Gesamtnote ein.</p>
<p>Unterrichtssprache</p> <p>Deutsch</p>
<p>Sonstige Informationen</p> <p>Das Modul wird zentral über Herrn PD Dr. Schumann vergeben.</p>