
Modulbezeichnung: Genomanalysen und Phylogenie (ILS-I2)
5 ECTS

Modulverantwortliche/r: Andreas Greven, Thomas Winkler

Lehrende: Christoph Richard, Andreas Greven, Leila Taher

Startsemester: WS 2016/2017

Dauer: 1 Semester

Turnus: jährlich (WS)

Präsenzzeit: 60 Std.

Eigenstudium: 90 Std.

Sprache: Deutsch

Lehrveranstaltungen:

Im Praktikum Teil 1 (Rechnerübungen) besteht Anwesenheitspflicht.

Genomanalysen und Phylogenie - ILS (WS 2016/2017, Vorlesung, 2 SWS, Andreas Greven et al.)

Rechnerübungen zur Genomanalyse und Phylogenie - ILS (WS 2016/2017, Übung, 2 SWS, Anwesenheitspflicht, Christoph Richard et al.)

Inhalt:

VORL Teil 1 (Mathematik):

- Stochastische Modelle für Genomsequenzen (zufällige Sequenzen, Multinomialmodell, Markowmodell, empirische Untersuchung)
- Mathematische Struktur von Genen und Proteinen, statistische Tests
- Sequence alignment (globale Alignments, lokale Alignments, statistische Bewertung von Alignments, multiple Alignments, Algorithmen)
- Versteckte Markowketten (Würfelmodell, wahrscheinlichste versteckte Kette)
- Variation in DNA-Folgen (Mutations- und Substitutionsraten, Schätzen der genetischen Variabilität)
- Mathematische Grundlagen phylogenetischer Bäume (Graphen und Bäume, Distanzen, Eigenschaften der Distanzmatrix, NJ-Algorithmus)
- Rechnerübungen zur Vorlesung (Programmiersprache R)
- Rekonstruktion phylogenetischer Bäume: Theorie und Anwendung (Software: R)

VORL Teil 2 (Biologie):

- Biologische Fragestellungen zu den Themen Genomdatenbanken, Sequenz-Alignments, phylogenetische Bäume und Hochdurchsatz-Expressionsanalysen
- Fallbeispiele aus der aktuellen Forschung werden veranschaulicht

PR Teil 1 (Mathematik):

- Rechnerübungen zu Inhalten der Vorlesung (Programmiersprache R)

PR Teil 2 (Biologie):

- Biologische Fallbeispiele zu Datenbanksuche, Alignments, Phylogenie werden am Rechner beispielhaft geübt (Software Matlab)
- Es wird eine Projektarbeit zur Datenbanksuche, Sequenzalignments und phylogenetischer Analyse selbständig gelöst.

Lernziele und Kompetenzen:

Die Studierenden

- sind fähig, an Fallbeispielen Genomdatenbanken online zu nutzen
- verstehen Alignment und Suchalgorithmen wie BLAST
- sind in der Lage, erworbenes Wissen selbständig anzuwenden, eigene Ergebnisse angemessen darzustellen und zu interpretieren
- können selbstständig eine Aufgabe aus dem Bereich Genomanalyse bearbeiten und in einem Kurzvortrag darstellen
- erlernen die Anwendung spezieller Datenbankenprogramme
- erweitern aufgrund der Kommunikationsfähigkeit ihre Selbstkompetenzen.

Literatur:

Hütt, Dehnert: Methoden der Bioinformatik, Introduction to Computational Genomics Cristianini, Hahn: Introduction to Computational Genomics - A case studies approach.

Verwendbarkeit des Moduls / Einpassung in den Musterstudienplan:

Das Modul ist im Kontext der folgenden Studienfächer/Vertiefungsrichtungen verwendbar:

[1] Integrated Life Sciences: Biologie, Biomathematik, Biophysik (Bachelor of Science)

(Po-Vers. 2015w | NatFak | Integrated Life Sciences: Biologie, Biomathematik, Biophysik (Bachelor of Science) |
Pflichtmodule | Genomanalysen und Phylogenie)

Dieses Modul ist daneben auch in den Studienfächern "Mathematik (Bachelor of Science)" verwendbar.

Studien-/Prüfungsleistungen:

Genomanalysen und Phylogenie (Prüfungsnummer: 32301)

Prüfungsleistung, Klausur, Dauer (in Minuten): 90

Anteil an der Berechnung der Modulnote: 100%

Erstablingung: WS 2016/2017, 1. Wdh.: WS 2016/2017

1. Prüfer: Andreas Greven

Praktikum zur Vorlesung Genomanalysen und Phylogenie (Prüfungsnummer: 32302)

Studienleistung, Seminararbeit+Vortrag, Dauer (in Minuten): 15

Erstablingung: WS 2016/2017, 1. Wdh.: keine Angabe

1. Prüfer: Leila Taher
