

Spezialmodul		3. Semesterdrittel		WS 2015/2016	
Vorlesungsnummern:		190 203 (Blockpraktikum), 190 204 (Seminar)			
Titel:		Angewandte Bioinformatik			
Veranstaltungstyp:		Praktikum, Seminar			
Modul wird angeboten für:		B.Sc.: ja	M.Sc.: ja	B.A.: ja	M.Ed.: ja
M.Sc.: Schwerpunkt		Molekulare Botanik und Mikrobiologie			
M.Sc.: Fachprüfungen		FP I oder III: Botanik, Genetik			
Weitere Zuordnungen auf Anfrage		FP II: Bioinformatik, Molekulare Genetik			
M.Ed.: Prüfungsbereich		Botanik, Genetik			
SWS: 18	CP: 15	Workload: Stunden 450		Angebot im: SS und WS	
Kontaktzeit: 240 h		Selbststudium: 210 h		Dauer: 6 Wochen + Vor- und Nachbereitung	
Lehrbereich:		Lehrstuhl für Allgemeine und Molekulare Botanik			
Name der/des Dozent/innen:		Nowrousián			
Teilnehmerzahl:		2			
Teilnahmevoraussetzungen:		Grundmodulprüfungen der Bachelorstudiengänge Biologie der RUB (B.A., B.Sc.) oder Bachelor-Abschluss. A-Modul „Molekulargenetik und Biotechnologie eukaryotischer Mikroorganismen“ oder „Bioinformatik“ (oder vergleichbare Module). Schein „Statistische Methoden für Biologen und Geowissenschaftler“ (oder vergleichbare Leistungen) sowie Computergrundkenntnisse (Windows-Anwendungen, email, Internet) erwünscht.			
Termin der Vorbesprechung (Ort, Tag, Zeit):		n.V.			
Beginn und Ende:		11.01.-19.02.2016			
Voraussetzungen für die Vergabe von Kreditpunkten:		Die CP werden vergeben, wenn ein korrektes <u>Protokoll</u> eingereicht, ein <u>Literatur-Seminarvortrag</u> (20 Minuten) sowie ein <u>Ergebnis-Abschlussvortrag</u> (20 Minuten) erfolgreich gehalten wurden und die <u>Abschlussprüfung</u> (30 Minuten mündlich) bestanden wurde. Das Modul wird nicht benotet.			
Lernziele und zugeordnete Prüfungsformen: Nach Abschluss des Moduls werden die Studierenden über vertiefte Kenntnisse der Molekulargenetik von Pilzen sowie bioinformatischer Anwendungen verfügen (mündliche Prüfung). Gleichzeitig lernen die Teilnehmer/innen, zentrale Methoden und Arbeitstechniken der Molekulargenetik und Bioinformatik anzuwenden und Versuchsergebnisse wissenschaftlich zu dokumentieren (Protokoll). Ebenso werden sie befähigt sein, wissenschaftliche Sachverhalte mündlich zu präsentieren (Vorträge).					
Inhalt: Durch die zunehmende Menge an Sequenz- und Expressionsdaten kann ein tieferes Verständnis biologischer Zusammenhänge nur durch Kenntnis sowohl der experimentellen Herleitung der Daten als auch ihrer computerunterstützten Auswertung erhalten werden. Biologen müssen daher sowohl die Laborarbeit als auch die bioinformatische Auswertung von Ergebnissen beherrschen. In diesem Modul sollen daher Grundkenntnisse bioinformatischer Anwendungen im Rahmen eines Projektstudiums vermittelt werden. Das Praktikum gliedert sich in etwa zur Hälfte in rechnergestützte Auswertung von Sequenz- oder Expressionsdaten aus dem Bereich des Functional Genomics sowie in Laborarbeiten zur PCR-Amplifikation, Klonierung und Sequenzierung bisher unbekannter Gene. Eine derartige zweigleisige Ausbildung bildet eine ideale Voraussetzung für viele Arbeiten auf dem Gebiet der Molekularbiologie. Als Versuchsorganismen in diesem Modul werden Hyphenpilze gewählt. Zum einen besitzen sie relativ kleine Genome, von denen mehrere bereits vollständig sequenziert sind, zum anderen sind molekularbiologische Techniken bei vielen Hyphenpilzen bereits gut etabliert. Außerdem sind viele Hyphenpilze von medizinischer oder (agrar-) ökologischer Bedeutung oder sind Modellorganismen für die Grundlagenforschung. Im Rahmen des S-Moduls werden u.a. folgende Methoden/Themen behandelt: - Charakterisierung von Entwicklungsgenen in Hyphenpilzen - Datenbanksuche, homologie-basierte Gen-Annotation - Phylogenie-Analysen: Erstellung phylogenetischer Stammbäume aus den erhaltenen Sequenzvergleichen - Expressionsanalysen mittels quantitativer Real-Time-PCR					
Literatur: Seyffert, Lehrbuch der Genetik, 2. Auflage, Spektrum-Verlag / Lesk, Bioinformatik, Spektrum-Verlag; Kück, Praktikum der Molekulargenetik. Fachliteratur wird themenspezifisch vor Beginn des Moduls mitgeteilt.					
Anmerkungen: Dieses Modul erfordert ständige Anwesenheit.					