

Modultitel (deutsch)	Methoden der Hochdurchsatzsequenzierung	
Modultitel (englisch)	High Throughput Sequencing Methods	
Modulnummer	FMI-BI0043	01.04.2012
Art des Moduls (Pflicht-, Wahlpflicht- oder Wahlmodul)	Wahlpflichtmodul für den B.Sc. Bioinformatik (Wahlpflichtbereich 1) Wahlpflichtmodul für den M.Sc. Bioinformatik (Bereich Bioinformatik) Wahlpflichtmodul für M.Sc. Computational Science - Anwendungen Bereich Biologie, Bioinformatik, Computational Neuroscience	
Modul-Verantwortlicher	<i>Manuela Marz</i>	
Leistungspunkte (ECTS credits)	6	
Arbeitsaufwand (work load) in: - Präsenzstunden - Selbststudium (einschl. Prüfungsvorbereitung)	60 Std. 120 Std.	
Lehrform (SWS)	4 V/S/P	
Häufigkeit des Angebots (Modulturnus)	Jedes Sommersemester	
Dauer des Moduls	1 Semester, wird ein Blockpraktikum angeboten, so findet es als 2wöchige Veranstaltung im Anschluss an die Vorlesung in den Semesterferien statt.	
Voraussetzung für die Zulassung zum Modul	Keine	
Empfohlene Vorkenntnisse für das Modul	FMI-BI0003 (Einführung in die Bioinformatik I) FMI-BI0004 (Einführung in die Bioinformatik II) FMI-BI0026 (Einführung in die Genetik)	
Voraussetzung für die Zulassung zur Modulprüfung	Keine	
Voraussetzung für die Vergabe von Leistungspunkten (Prüfungsform)	Klausur oder mündliche Prüfung zur Vorlesung sowie ggf. Anfertigung eines Methoden-/Ergebnisprotokolls und Abschlussvortrag zum Praktikum.	
Inhalte	Die Studierenden sollen aktuelle Methoden der Hochdurchsatzverfahren kennenlernen (MicroArrays, Deep Sequencing von Genomen und Transkriptomen). Standardisierte Assemblierungs- und Mappingmethoden werden neben allgemeinen Auswertungsstrategien (Statistische Evaluation, Genomannotation) vorgestellt. Typische biologische Fragestellungen und aktuelle Probleme werden analysiert und diskutiert. Im Praktikum werden die Studierenden die in der Vorlesung erlernten Fähigkeiten anwenden und gleichzeitig am aktuellen Stand der Forschung mitwirken.	
(Qualifikations-)Ziele	<ul style="list-style-type: none"> • Grundlegendes Verständnis von molekularbiologischen Fragestellungen • Methoden der Hochdurchsatzverfahren • Bewusstsein über Vor-/Nachteile der verschiedenen Assemblierungs- und Mappingmethoden • Umgang mit mehreren Terrabyte von Daten • Auswertung und Analyse von Hochdurchsatzdaten 	
Literatur	Bioconductor standard workflow (2010); Hoffmann et al., <u>PLoS Comput Biol</u> (2009); Zerbino et al., Genome Research (2008), Lechner et al, BMC Bioinformatics (2011);	