

Master of Science Medizininformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2207	Wahlpflicht

Modultitel	Sequenzanalyse und Genomik
Modultitel (englisch)	Sequence Analysis and Genomics
Empfohlen für:	1./3. Semester
Verantwortlich	Lehrstuhl für Bioinformatik
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Einführungsvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 56 h Selbststudium = 86 h • Vorlesung "Spezialvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h • Übung "Sequenzanalyse und Genomik" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h • Praktikum "Sequenzanalyse und Genomik" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 68 h Selbststudium = 128 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biochemie • M.Sc. Bioinformatik • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biologie • M.Sc. Data Science • Vertiefungsmodul im M.Sc. Informatik • M.Sc. Medizininformatik • M.Sc. Wirtschaftspädagogik (zweites Fach Informatik) • Lehramt Informatik
Ziele	<p>Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Bioinformatik von RNA und Proteinstrukturen" sind die Studierenden in der Lage</p> <ul style="list-style-type: none"> - Sequenzdaten im biologischen Kontext zu interpretieren, - die grundlegenden Algorithmen zum Sequenzvergleich in hinreichender Tiefe zu verstehen, um die geeigneten Werkzeuge für konkrete Anwendungen auszuwählen, - die grundlegenden Algorithmen zum Sequenzvergleich anzuwenden und in einfacher Weise zu modifizieren, - einfache Aufgabenstellungen aus der vergleichenden Genomik eigenständig zu bearbeiten und - die Ergebnisse der praktischen Arbeit zu präsentieren und kritisch zu diskutieren.
Inhalt	<p>Vorlesung "Sequenzanalyse und Genomik":</p> <ul style="list-style-type: none"> - Exakte und approximative Suche in Sequenzdaten - lokale und globale Alignierung von Sequenzen - Phylogenetische Rekonstruktion in Theorie und Praxis <p>Eine Spezialvorlesung wird auf einem der folgenden Themengebiete angeboten:</p> <ul style="list-style-type: none"> - "Evolutionäre Algorithmen": Kombinatorische Optimierungs-Probleme; Simulated Annealing; Werte-Landschaften; Genetische Algorithmen; Genetic Programming.

- "Hidden-Markov-Modelle in der Bioinformatik": Grundlagen von HMMs: Baum-Welch- und Viterbi-Algorithmus; Parameterschätzung; paarweise Alignments mit HMMs; Profile-HMMs für Sequenzfamilien; multiple Alignments mit Lernen von Profile-HMMs.
- "Präbiotische Evolution": Astrophysikalische Grundlagen; Präbiotische Chemie; Chemische Reaktionsnetzwerke; Die RNA Welt und alternative Szenarien; Mathematische Modelle: Quasispecies, Hyperzyklus, und Co.; Der Genetische Code
- "Populationsgenetik": Einführung in die theoretischen Grundlagen und die Werkzeuge der Populationsgenetik sowie der Populationsgenomik.
- "Epigenetik": Arten der epigenetischen Modifikationen; Begriffsdefinition Epigenetik; Einführung in die experimentellen Techniken mit Schwerpunkt auf ihre Auswertung; Mapping von Sequenzierungsdaten; Peak-Calling Verfahren;
- "Algorithmen für Hochdurchsatzsequenzierung": Hochgeschwindigkeitsalignmentalgorithmen basierend auf Suffix Arrays und der Burrows Wheeler Transformation wie "BWA", "BOWTIE" oder "segemehl". Algorithmen zur Rekonstruktion von Genomen basierend auf De Bruijn Graphen oder String Graphen.

Ein Praktikum wird auf einem der folgenden Themengebiete angeboten:

- "Nukleinsäuren": Praxisnaher Umgang mit Standard-Programmen (u.a. "blast", "clustal" und "muscle") zur genomweiten Suche und zum Sequenzvergleich; Suche nach strukturierter Information, wie z.B. proteinkodierenden Regionen, nicht-kodierenden RNAs oder regulatorischen Elementen in Genomen unter Zuhilfenahme aktueller Werkzeuge und Methoden (z.B. "Proteinortho", "RNAz" oder "Augustus"); Umgang mit Datenquellen wie dem "UCSC Genome Browser".
- "Phylogenetische Rekonstruktion": Rekonstruktion von Phylogenien mit Standard-Werkzeugen wie "phylip", "MEGA" oder "NeighborNet"; problemgerechte Auswahl einer Methode (Maximum Parsimony, Maximum Likelihood oder distanzbasiert); visuelle Darstellung von Ereignissen und Veränderungen auf evolutionären Zeitskalen (u.a. mit "TreeView" oder "iTOL")
- "Epigenetik": Einführung in grundlegende Auswertungsprogramme wie "bedtools" oder "UCSCtools" sowie Programme zur Erstausswertung von Sequenzierungsexperimenten wie "cutadapt", "fastqc" oder "segemehl".
- "Populationsgenetik": Verfahren zur Analyse von Daten zu genetischen Polymorphismen und genomischer Diversität sowie mathematischer Modelle zur Modellierung von populationsgenetischen Effekten (wie Mutation, Drift und Selektion) in der Evolution.

In den Praktika wird zum selbstständigen Arbeiten angeleitet, nicht die Ergebnisse, sondern das Erstellen und Verfeinern von Lösungsansätzen stehen im Vordergrund.

Eine Übung begleitet die Vorlesung, in der vorgestellte Algorithmen implementiert und vertieft und vorgestellte Programme angewandt werden.

Teilnahmevoraussetzungen

keine

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen**Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1***Prüfungsvorleistung: Praktikumsbericht im Praktikum, Bearbeitungszeit 8 Wochen*

	Vorlesung "Einführungsvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (2SWS)
	Vorlesung "Spezialvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (1SWS)
	Übung "Sequenzanalyse und Genomik" (1SWS)
	Praktikum "Sequenzanalyse und Genomik" (4SWS)