

## Bioinformatische Methoden der Phylogenetik und Phylogenomik der Pflanzen

<b>Berufsfeldorientierung A, B, C</b>			
Bioinformatische Methoden der Phylogenetik und Phylogenomik der Pflanzen			
<b>Hochschule/Fachbereich/Institut:</b> Freie Universität Berlin/ FB Biologie Chemie Pharmazie/ Institut für Biologie			
<b>Modulverantwortliche/r:</b> Dr. Michael Grünstäudl			
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine			
<b>Qualifikationsziele:</b> Die Studentinnen und Studenten verfügen nach der Modulteilnahme Kenntnisse über die grundlegenden Analysemethoden im Bereich der Phylogenetik und Phylogenomik an Pflanzen, wie sie unter anderem in der Nutzpflanzenforschung zum Einsatz kommen. Sie besitzen insbesondere die Kompetenz, relevante Software über die Kommandozeile zu bedienen und erlernte Analysetechniken an großen Datensätzen eigenständig anzuwenden. Darüberhinaus besitzen die Studentinnen und Studenten nach der Modulteilnahme die Fähigkeit, einfache Analyse-Pipelines im Bereich der Phylogenomik selbstständig zu erstellen und anzuwenden. Der Erwerb von Kompetenz im Umgang mit der Linux-Kommandozeile stellt hierbei ein zentrales Qualifikationsziel dar.			
<b>Inhalte:</b> Die Studentinnen und Studenten erhalten durch die Modulteilnahme eine Einführung in die rezente Arbeitsweise der phylogenetischen und phylogenomischen Forschung an Pflanzen, wie sie unter anderem in der Nutzpflanzenforschung zum Einsatz kommen. Die Übung stellt hierbei die wichtigsten computer-gestützten phylogenetischen und phylogenomischen Analysetechniken vor, während das Seminar die Möglichkeit zur angeleiteten, aber selbständigen Evaluierung der bestehenden Software gibt.  In der Übung werden zuerst grundlegende Kenntnisse der bioinformatischen Praxis erlernt oder wiederholt (Umgang mit dem <i>bash shell</i> , Verwendung von <i>unix power tools</i> , Umgang mit <i>R</i> , Umgang mit <i>Python</i> ). Großer Wert wird hierbei auf die Nutzung der Kommandozeile im Umgang mit phylogenetischer und phylogenomischer Software gelegt. Danach werden rezente computer-gestützte Methoden der phylogenetischen und phylogenomischen Analyse vorgestellt. Diese umfassen unter anderem die automatisierte Durchführung von <i>assembly</i> und <i>annotation</i> von Plastidengenomen, das automatisierte Alignment großer Datensätze von DNA-Sequenzen, effiziente Strategien zur Berechnung phylogenetischer Bäume aus großen Datensätzen, das Durchführen von Partitionierungs-Strategien sowie weitere Themen.  Im Seminar werden die Themen der Übung mittels Gruppenarbeiten und Präsentationen kritisch beleuchtet und alternative Analysestrategien bzw. die Anwendung alternativer Analysesoftware diskutiert und vergleichend bewertet. Die Studentinnen und Studenten erhalten hierbei Aufgabenstellungen und können sich angeleitet, aber selbständig in ein oder zwei Bereiche der phylogenetischen und phylogenomischen Forschung vertiefen.			
<b>Lehr- und Lernformen</b>	<b>Präsenzstudium</b> (Semesterwochenstunden = SWS)	<b>Formen aktiver Teilnahme</b>	<b>Arbeitsaufwand</b> (Stunden)
Seminar	1	Präsentation oder Referat, Arbeitsgruppen, kurze schriftliche Zusammenfassungen	Präsenzzeit Seminar Vor- und Nachbereitung Seminar  Präsenzzeit Übung Vor- und Nachbereitung Übung
Übung	3	Durchführung und Protokollierung von Versuchen	15 45  45 45
<b>Veranstaltungssprache</b>		Deutsch	
<b>Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme</b>		Seminar / Übung: ja	
<b>Arbeitszeitaufwand insgesamt</b>		150 Stunden	5 LP
<b>Dauer des Moduls</b>		ein Semester	
<b>Häufigkeit des Angebots</b>		wechselnd	
<b>Verwendbarkeit</b>		Bachelorstudiengang Biologie, Studienbereich ABV (Kompetenzbereich Fachnahe Zusatzqualifikationen)	