



# Module Description

## 39-M-Inf-IMD Computational Methods for Data Analysis in Metagenomics and Metatranscriptomics

Faculty of Technology

*Version dated Feb 4, 2026*

This module guide reflects the current state and is subject to change. Up-to-date information and the latest version of this document can be found online via the page

<https://ekvv.uni-bielefeld.de/sinfo/publ/modul/27461505>

The current and valid provisions in the module guide are binding and further specify the subject-related regulations (German "FsB") published in the Official Announcements of Bielefeld University.

## **39-M-Inf-IMD Computational Methods for Data Analysis in Metagenomics and Metatranscriptomics**

### **Faculty**

---

Faculty of Technology

### **Person responsible for module**

---

Prof. Dr.-Ing. Tim Wilhelm Nattkemper

### **Regular cycle (beginning)**

---

Discontinued

### **Credit points**

---

10 Credit points

### **Competencies**

---

Die Studierenden werden an hochaktuelle Fragestellungen in der Bioinformatik herangeführt und erwerben tieferes Wissen über die aktuellen Trends in der Sequenziertechnologie im Bezug auf die sich daraus ergebenden Fragestellungen an die Bioinformatik. Darüber hinaus erwerben die Teilnehmer vertiefendes Wissen über einzelne Methoden der Datenanalytik (z.B. Visualisierung, Clustering, Data Mining, GPU Computing, High Performance Computing, ...). Des Weiteren gewinnen die Studierenden einen umfassenden und anwendungsnahen Erfahrungsschatz durch das Projekt, in dem zusammen mit Mitarbeitern der BRF anwendungs- und benutzerorientierte neue Tools entwickelt werden.

### **Content of teaching**

---

Durch die Einführung der so genannten ultrafast sequencing Technologien (Roche/454, Illumina/Solexa, ABI/Solid u.a.) ist in den Lebenswissenschaften ein starker Bedarf nach neuen algorithmischen Lösungsansätzen für deren Verarbeitung und Analyse entstanden. Ziel dieses Moduls ist die Entwicklung von neuen Analysetools, welche der neuen Dimensionierung der Datensätze aus der Metagenomik oder Metatranskriptomik Rechnung tragen. Dabei sollen mehrere Ansätze in Kleingruppen von 2-3 Studierenden realisiert und untersucht werden:

- Erhöhung des Datendurchsatzes durch Berechnungen auf der GPU
- Neue dynamische Visualisierungskonzepte für Klassifikationsergebnisse
- Explorationswerkzeuge zur Analyse von Assemblierungsergebnissen
- Visualisierungswerkzeuge zur komparativen Analyse von Datensätzen

Literatur: Im Rahmen des Seminars wird wissenschaftlich-technischer Hintergrund über Artikel / Publikationen / Vorträge vermittelt.

### **Recommended previous knowledge**

---

Kompetenzen, wie sie beispielsweise im Modul 39-Inf-1 Algorithmen und Datenstrukturen erworben werden können  
Grundkenntnisse Mathematik

## Necessary requirements

---

—

## Explanation regarding the elements of the module

---

### Unbenotete / benotete Modulprüfung:

Die Modul(teil)prüfung kann in einigen Studiengängen nach Wahl der Studierenden auch "unbenotet" erbracht werden. Vor Erbringung ist eine entsprechende Festlegung vorzunehmen, eine nachträgliche Änderung (benotet - unbenotet) ist ausgeschlossen. Wird diese Option gewählt, ist es nicht möglich, dieses Modul zu verwenden, um es in einen Studiengang einzubringen, in dem dieses Modul bei der Gesamtnotenberechnung berücksichtigt wird.

### Begründung der Notwendigkeit von zwei Modulteilprüfungen:

In diesem Modul sollen die Studierenden moderne Methoden aus der aktuellen Forschung der Informatik anwendungsorientiert einsetzen. Es sind deswegen zwei Kompetenzerwerbe zu prüfen: das tiefe theoretische Verständnis der Methodik in der Datenanalyse und die erfolgreiche Implementierung des Verfahrens als ausführbares und dokumentiertes Programm.

Module structure: 0-1 bPr, 1-2 uPr<sup>1</sup>

## Courses

---

Title	Type	Regular cycle	Workload 5	LP <sup>2</sup>
<b>Entwicklung von neuen Werkzeugen zur Analyse von großen Datensätzen aus der Metagenomik-/transkriptomik</b> <i>Besprechungen, Vor- und Nachbereitung der Besprechungen, Entwurf Algorithmen, Projektmanagement/Dokumentation, Implementierung, Evaluation/Test</i>	project	SoSe	210 h (60 + 150)	7 [Pr]
<b>Neue Trends in der Omics-Datenanalyse</b>	seminar	SoSe	90 h (30 + 60)	3 [Pr] [Pr]

## Examinations

---

Allocated examiner	Type	Weighting	Workload	LP <sup>2</sup>

<p>Teaching staff of the course <b>Entwicklung von neuen Werkzeugen zur Analyse von großen Datensätzen aus der Metagenomik-/transkriptomik (project)</b></p> <p><i>Die Implementierung eines neuen Verfahrens kann sowohl in Einzelarbeit als auch in Kleingruppen erfolgen. Ein ausgewählter Algorithmus wird von den Studierenden implementiert und mit echten Labordaten evaluiert. Abhängig von den Vorkenntnissen der Studierenden oder der algorithmischen Besonderheiten können/sollen die Studierenden selbstständig die technische Strategie der Umsetzung mitentscheiden (z. B. bei der Wahl der Programmiersprache: C++, Java, etc.), eventuelle externe Quellcodes (Libraries) suchen und einbinden und Evaluationskriterien entwickeln. Um das Modul erfolgreich abzuschließen, muss eine effizient arbeitende, wohl dokumentierte und evaluierte Version der Implementation vorliegen, zusammen mit einem Beispieldatensatz. Es wird erwartet, dass die Studierenden ihre Erfahrungen aus vorhergehenden Lehrveranstaltungen (Projektentwicklung u.ä.) effektiv nutzen. Die Umsetzung der Implementation sollte i.d.R. 70% des Aufwands des Moduls in Anspruch nehmen.</i></p>	<p>Projekt mit Ausarbeitung</p>	<p>without grades</p>	<p>-</p>	<p>-</p>
<p>Teaching staff of the course <b>Neue Trends in der Omics-Datenanalyse (seminar)</b></p> <p><i>In einigen Studiengängen der Technischen Fakultät kann die Modulteilprüfung nach Wahl der Studierenden auch "unbenotet" erbracht werden (s. Erläuterungen zu den Modulelementen und die jeweilige FsB). Wird die unbenotete Option gewählt, ist es nicht möglich, dieses Modul zu verwenden, um es in einen Studiengang einzubringen, in dem dieses Modul bei der Gesamtnotenbergrechnung berücksichtigt wird. Erläuterungen zu dieser Prüfung siehe unten (benotete Prüfungsvariante).</i></p>	<p>Referat</p>	<p>without grades</p>	<p>-</p>	<p>-</p>
<p>Teaching staff of the course <b>Neue Trends in der Omics-Datenanalyse (seminar)</b></p> <p><i>Referat (ca. 45-60 min.)</i></p>	<p>Referat</p>	<p>1</p>	<p>-</p>	<p>-</p>

## Further notices

Bei diesem Modul handelt es sich um ein eingestelltes Angebot. Ein entsprechendes Angebot, um dieses Modul abzuschließen, wurde bis maximal Sommersemester 2013 vorgehalten. Bisheriger Angebotsturnus war jedes Sommersemester.

## Legend

---

- 1 The module structure displays the required number of study requirements and examinations.
  - 2 LP is the short form for credit points.
  - 3 The figures in this column are the specialist semesters in which it is recommended to start the module. Depending on the individual study schedule, entirely different courses of study are possible and advisable.
  - 4 Explanations on mandatory option: "Obligation" means: This module is mandatory for the course of the studies; "Optional obligation" means: This module belongs to a number of modules available for selection under certain circumstances. This is more precisely regulated by the "Subject-related regulations" (see navigation).
  - 5 Workload (contact time + self-study)
- SoSe** Summer semester  
**WiSe** Winter semester  
**SL** study requirement  
**Pr** Examination  
**bPr** Number of examinations with grades  
**uPr** Number of examinations without grades