Modulbeschreibung 20-SP_ver1 Anwendungsorientierte Analyse von Postgenom-Datensätzen mit Python

Fakultät für Biologie

Version vom 03.11.2026

Dieses Modulhandbuch gibt den derzeitigen Stand wieder und kann Änderungen unterliegen. Aktuelle Informationen und den jeweils letzten Stand dieses Dokuments finden Sie im Internet über die Seite

https://ekvv.uni-bielefeld.de/sinfo/publ/modul/69755077

Die jeweils aktuellen und gültigen Regelungen im Modulhandbuch sind verbindlich und konkretisieren die im Verkündungsblatt der Universität Bielefeld veröffentlichten Fächerspezifischen Bestimmungen.

20-SP_ver1 Anwendungsorientierte Analyse von Postgenom-Datensätzen mit Python

Fakultät

Fakultät für Biologie

Modulverantwortliche*r

Prof. Dr. Andrea Bräutigam

Prof. Dr. Alexander Sczyrba

Turnus (Beginn)

Wird nicht mehr angeboten

Leistungspunkte

5 Leistungspunkte

Kompetenzen

Die Studierenden haben in diesem Modul theoretische Kenntnisse der bioinformatischen Methoden zur Verarbeitung und Auswertung von Genom- und Postgenomdaten (Transkriptomik, Proteomik, Metabolomik) kennen gelernt und können diese praktisch anwenden. Dies umfasst die Kenntnis entsprechender Software und Datenbanken, sowie die Fähigkeit zur Erstellung von Analyse-Pipelines zur Datenauswertung. In den Übungen wurden hierzu die zur eigenständigen Erstellung von Skripten erforderlichen Kenntnisse in der Programmsprache Python erworben. Aufgrund der gewonnenen Erkenntnisse sind die Studierenden in der Lage, eine Qualitätsabschätzung gewonnener Ergebnisse vorzunehmen. Durch in der Regel wöchentlich gestellte Übungsaufgaben wird die Fähigkeit überprüft, die Bedeutung und den Ablauf der praktischen Anwendungsbeispiele darzustellen und die erzielten Ergebnisse zu interpretieren.

Lehrinhalte

In diesem Modul werden anwendungsorientierte Einblicke in die bioinformatische Verarbeitung und Auswertung von Genom- und Postgenomdaten zur Adressierung aktueller biologischer Fragestellungen vermittelt. Ziel der Veranstaltung ist das Erlernen der Programmiersprache Python zur eigenständigen Erstellung von Skripten, sowie das Erlernen methodischer Ansätze bei der Auswertung von umfangreichen Datensätzen der funktionellen Genomik. Beispielhaft sollen Probleme aus realen Projekten durch die Teilnehmer insbesondere im Kontext der dramatisch angestiegenen Datenmengen in allen Bereichen der Postgenomik (Stichwort "Big Data") gemeinsam analysiert, bearbeitet und ausgewertet werden. Das Themenspektrum reicht hierbei von Datenformaten in der Bioinformatik über die Annotation von Genen/Genomen bis zur Auswertung von Expressionsdaten (RNA-Seq) und Proteom-Datensätzen.

Empfohlene Vorkenntnisse

Empfohlen sind Kompetenzen, wie sie beispielsweise in den Modulen 39-Inf-12 Sequenzanalyse und 39-Inf-1 Algorithmen und Datenstrukturen erworben werden können.

Notwendige Voraussetzungen

–

Erläuterung zu den Modulelementen

Modulstruktur: 1 uPr [1]

Veranstaltungen

Titel	Art	Turnus	Workload [5]	LP[2]
Anwendungsorientierte Analyse von Postgenom-Datensätzen mit Python	Vorlesung	SoSe	60 h (30 + 30)	2
Anwendungsorientierte Analyse von Postgenom-Datensätzen mit Python	Übung	SoSe	90 h (30 + 60)	3 [Pr]

Prüfungen

Zuordnung Prüfende	Art	Gewichtung	Workload	LP[2]
Lehrende der Veranstaltung **Anwendungsorientierte Analyse von Postgenom-Datensätzen mit Python (Übung)** *Für die Übungen zu der Vorlesung müssen wöchentlich in der Regel 2-3 Aufgaben zunächst selbstständig bearbeitet und die Lösungsansätze anschließend im Rahmen der Übungen gemeinsam besprochen und diskutiert werden. Die zu bearbeitenden Übungsaufgaben werden jeweils eine Woche vorher ausgegeben. Zum Bestehen erforderlich ist der Nachweis einer ausreichenden Zahl korrekt gelöster Übungsaufgaben (in der Regel 50% der im Semester für das Lösen der Aufgaben erzielbaren Punkte)*	Portfolio	unbenotet	-	-

Weitere Hinweise

Bei dieser Version des Moduls handelt es sich um ein eingestelltes Angebot, sie wurde bis maximal Sommersemester 2020 vorgehalten. Bisheriger Angebotsturnus war jedes Sommersemester.

Legende

1 Die Modulstruktur beschreibt die zur Erbringung des Moduls notwendigen Prüfungen und Studienleistungen.

2 LP ist die Abkürzung für Leistungspunkte.

3 Die Zahlen in dieser Spalte sind die Fachsemester, in denen der Beginn des Moduls empfohlen wird. Je nach individueller Studienplanung sind gänzlich andere Studienverläufe möglich und sinnvoll.

4 Erläuterungen zur Bindung: "Pflicht" bedeutet: Dieses Modul muss im Laufe des Studiums verpflichtend absolviert werden; "Wahlpflicht" bedeutet: Dieses Modul gehört einer Anzahl von Modulen an, aus denen unter bestimmten Bedingungen ausgewählt werden kann. Genaueres regeln die "Fächerspezifischen Bestimmungen" (siehe Navigation).

5 Workload (Kontaktzeit + Selbststudium)

SoSe Sommersemester

WiSe Wintersemester

SL Studienleistung

Pr Prüfung

bPr Anzahl benotete Modul(teil)prüfungen

uPr Anzahl unbenotete Modul(teil)prüfungen