**Lec 2**

* Sie verstehen warum die Bioinformatik inzwischen ein integraler Teil aller Biowissenschaften ist.
* Sie kennen die wichtigsten Online-Ressourcen für die genetische und genomische Forschung.
* Sie kennen die wichtigsten Grossprojekte für die Sammlung und Interpretation von Genetischen Daten.
* Sie können die Sequenzen von Genen und Proteinen in Online-Datenbanken finden und herunterladen.
* Sie können Online-Tools nutzen um miteinander verwandte Gensequenzen zu finden.
* Sie können in Online-Datenbanken Information zu genetischer Variation finden.
* Sie kennen den Unterschied zwischen heuristischen und formal beweisbaren Algorithmen und können diesen Unterschied am Beispiel von Sequenzalingment Algorithmen erklären.
* Sie verstehen die Funktionsweise des BLAST Algorithmus, durch welche Annahmen er seine Effizienz erreicht und wie Sie seine Parameter für unterschiedliche Alignment Probleme anpassen können.
* Sie können mit Hilfe von Software Tools mehrere Gensequenzen miteinander alignieren.
* Sie können basierend auf einem Sequenzalignment einen phylogenetischen Baum erstellen.
* Sie kennen die Funktion von Clustering-Algorithmen.

**Lec 3**

* **Sie können den Unterschied zwischen Genetik und Genomik beschreiben.**
* **Sie können verschiedene Methoden der Genotypisierung beschreiben und deren Vor- und Nachteile diskutieren.**
* **Sie können erklären welche technischen Innovationen den hohen Durchsatz von Genomiktechniken ermöglichen.**
* **Sie können Methoden beschreiben mit denen DNA Sequenzen *de novo* synthetisiert werden können und kennen die gegenwärtigen Limitierungen (Sequenzlängen, Fehlerrate) dieser Techniken.**
* **Sie sind sich des Datenvolumens bewusst das von Genomiktechniken erzeugt wird und können die daraus resultierenden Anforderungen für die Daten Analyse erklären.**

**Lec 4**

* Sie kennen die Vorteile der bakteriellen Genetik.
* Sie wissen, wie das bakterielle Genom aufgebaut ist und wie es sich vom eukaryotischen Genom unterscheidet.
* Sie kennen die unterschiedlichen Typen von Mutationen und wissen wie diese den Phänotyp verändern können.
* Sie wissen, was transposable Elemente sind und können Vor- und Nachteile der transposon-basierten Mutagenese erklären.
* Sie können erklären, wie man durch Selektion oder einen genetischen Screen Mutanten isoliert und wissen, wie man Mutationen im Genom identifiziert.
* Sie kennen die genetischen Möglichkeiten um essentielle Gene in Bakterien zu identifizieren.

**Lec5**

* Sie kennen den Lebenszyklus der Hefe und wissen wie Hefen zwischen haploidem und diploidem Wachstum wechseln können.
* Sie kennen die Grösse und den Aufbau des Hefe Genoms.
* Sie wissen was eine Tetrade ist, wie sie entsteht und welche Vorteile die Tetrade für die Hefezelle und für die genetische Forschung bringt.
* Sie kennen die wichtigsten Unterschiede zwischen den Hefearten *S. cerevisiae*und *S. pombe.*
* Sie wissen welche Mutagenesemethoden dem Hefegenetiker zur Verfügung stehen und kennen deren speziellen Vorteile der unterschiedlichen Methoden.
* Sie können erklären was temperatur-sensitive Mutanten sind und wie man sie in der Forschung verwendet.
* Sie wissen was synthetische Lethalität und was Suppressionsmutanten sind.
* Sie können Beispiele für klassische genetische Screens an Hefen nennen und erklären wie die verwendeten Methoden neu wissenschaftliche Erkenntnisse generiert haben.
* Sie können ihr Wissen nutzen um einen genetischen Screen an Hefe zu entwerfen.

**Lec 6**

* Sie können mindestens 4 Vorteile und 2 Nachteile von *Drosophila* as genetischer Modellorganismus nennen.
* Sie können erklären, wofür Balancer-Chromosomen verwendet werden und wie sie Rekombination unterdrücken
* Sie können folgende Begriffe definieren: Genetische Mosaike, FLP/FRT, mitotische Rekombination
* Sie können beschreiben, welche Schritte sie bei der Planung eines genetischen Screen beachten müssen.
* Sie können erklären, was klonale Screens sind und welche Vorteile diese gegenüber klassischen Screens haben.
* Sie können einen Screen zur Untersuchung des Phänotyps X in Drosophila aufsetzen und begründen.

**Lec 7**

* Sie können die Logik genetischer Studien erklären und diese am Beispiel klassischer Studien aufzeigen.
* Sie können einen Phänotyp so wählen, dass er experimentell einfach messbar und aussagekräftig ist.
* Sie können die Vor- und Nachteile von verschiedener Methoden zur Erzeugung von genetischer Diversität abwägen und diskutieren.
* Sie können die Vor- und Nachteile von verschiedenen Modelorganismen abwägen und diskutieren.
* Sie können Beispiele dafür nennen wie sich die Wahl unterschiedlicher Studienparameter (z.B. Modellorganismus, Quelle der genetischen Diversität, Phänotyp, Genotypisierungsmethode etc.) untereinander beeinflussen.
* Sie können eine einfache, logisch komplette Studie zu einer klar umrissenen biologischen Fragestellung entwerfen und Ihren Entwurf verteidigen.

**Lec 8**

* Sie kennen die Biogenese von miRNA und siRNA.
* Sie können die Unterschiede und Gemeinsamkeiten zwischen miRNAs und siRNAs beschreiben.
* Sie können erklären wie ein genomweiter RNAi Screen funktioniert.
* Sie können erklären wie das CRISPR/Cas Immunsystem in Bakterien entdeckt wurden.
* Sie kennen die Funktion und den biologischen Ursprung des CRISPR/Cas9 Systems.
* Sie können erklären wie das CRISPR/Cas9 System benutzt wird um gezielt Veränderungen im Genom einzuführen.
* Sie kennen diverse Anwendungsgebiete für die CRISPR/Cas Technologie.
* Sie können die ethischen Fragen, welche die CRISPR/Cas Technologie aufwirft erklären und die dabei verwendeten Argumente in einer Diskussion anwenden.

**Lec 9**

* Sie kennen die Motivation für Genetische Untersuchungen an Säugetieren
* Sie können die Begriffe *forward* und *reverse* Genetik erklären
* Sie verstehen warum die Anwendung von klassischen *forward* Genetik Ansätzen auf Säugetiere schwierig ist.
* Sie können die Vorteile und Nachteile von Arbeiten mit Säugetierzelllinien nennen.
* Sie kennen Methoden zur genetischen Manipulation von Säugetierzelllinien.
* Sie kennen die Vorteile von haploiden Zelllinien.
* Sie wissen wo haploide Tierzellen in der Natur vorkommen.
* Sie können zwischen *driver* und *passenger* Mutationen unterscheiden.
* Sie können die Limitierungen der *single* *gene* Genetik benennen und kennen alternative bzw. komplementäre Ansätze

**Lec 10**

* Sie verstehen die Motivation und biologischen Annahmen (*common phenotype, common genotype hypothesis*) die der Entwicklung der GWAS Technik zugrunde liegen.
* Sie kennen die experimentellen Methoden (*genotyping microarrays*) und genetischen Mechanismen (*linkage disequilibrium)* die GWAS Studien möglich machen.
* Sie können die Arbeitsschritte einer GWAS beschreiben und kennen die Funktion der einzelnen Schritte.  
  1) Auswahl eines Phänotyps der so leicht und präzise
* zu messen ist, wie möglich und zugleich einen
* guten Einblick in den zu untersuchenden biologischen
* Prozess erlaubt.
* 2) Abschätzung der Erblichkeit des Phänotyps und
* der Anzahl der Teilnehmer, die für eine genomweit
* signifikante Assoziation notwendig ist (nicht
* immer möglich).
* 3) Rekrutierung der Teilnehmer, Messung des Phänotyps
* und der Covariablen.
* 4) Bestimmung des Genotyps durch Genotypisierungs-
* Microarrays.
* 5) Qualitätskontrolle der SNPs.
* 6) Imputation von zusätzlichen SNPs (optional).
* 7) Bestimmung der Bevölkerungsstruktur durch
* principal component analysis.
* 8) Bestimmung der Covariablen, die den Phänotyp
* signifikant beeinflussen.
* 9) Korrektur des Phänotypen für signifikante Covariablen
* 10) GWAS Analyse
* 11) Korrektur der erhaltenen p-Werte durch genomic
* control
* 12) Generierung von QQ- und Manhattan Plots
* Sie können sich anhand einiger Schlüsselparameter ( p-Wert, n, lambda und r2) und Abbildungen (Manhattenplot, QQ-plot) einen Eindruck von der Qualität und Relevanz einer in der Primärliteratur veröffentlichten GWAS Studie machen.
* Sie können die Bedeutung von in einer GWAS Studie beobachtete Assoziation interpretieren und wissen wie eine solche Assoziation weiterverfolgt werden kann.
* Sie kennen die Diskussion um die Frage ob GWAS Studien insgesamt ein Erfolg sind oder nicht und können die Argumente beider Seiten vertreten.

**Lec 11**

* Sie verstehen die Bedeutung der Epigenetik in der Genregulation.
* Sie kennen die molekularen Mechanismen die der Epigenetik zugrunde liegen.
* Sie wissen wie epigenetische Veränderungen an Tochterzellen weitergegeben werden können (Mitose).
* Sie können erklären was *genomic imprinting* ist.
* Sie verstehen das Konzept von transgenerationeller epigenetischer Vererbung.
* Sie können Unterschiede und Gemeinsamkeiten von epigenetischer und genetischer Vererbung diskutieren und miteinander in Bezug bringen.

**Lec 12**

* Sie wissen was das Konzept der *clonal selection* in der Krebsentstehung bedeutet.
* Sie kennen die Hürden die eine normale Zelle überwinden muss um krebsartig zu werden.
* Sie können erklären wie *next generation sequencing*das Verständnis von Krebs verändert hat.
* Sie können einige unterschiedliche Therapieansätze erklären und miteinander vergleichen.
* Sie wissen was eine *driver* Mutation ist
* Sie wissen was Organoidkulturen sind und wie sie therapeutisch eingesetzt werden.
* Sie können aus dem Gelernten die Herausforderungen für eine erfolgreiche personalisierte Krebstherapie herleiten.

**Lec 13**

* Sie kennen den Unterschied zwischen, *forward genetics,* *reverse genetics*, *forward chemical genetics* und *reverse chemical genetics*.
* Sie können die Vorteile der chemischen gegenüber der klassischen Genetik nennen.
* Sie wissen wie man Substanzbibliotheken erzeugt.
* Sie können erklären wie man das *target* eines bioaktiven Moleküls bestimmen kann.
* Sie wissen wie Gene des Sekundärmetabolismus identifiziert werden können und wie sie organisiert sind.
* Sie können an einem Beispiel erklären, wie man Naturstoffstrukturen aus Genomsequenzen vorhersagt.

**Lec 14**

* Sie können die folgenden Begriffe erklären: Metagenom, Metranskriptom, Metaproteom.
* Sie können beschreiben, wie metagenomische Sequenzen generiert werden. (*next-generation sequencing*, PCR Methoden)
* Sie wissen wie man Mikroben taxonomisch klassifiziert und die Gesamtdiversität bestimmt.
* Sie können erklären wie man Metagenomsequenzen individuellen Genomen zuordnet.
* Sie können beschreiben wie man metagenomischen Libraries konstruiert.
* Sie können funktionsbasiertes *library screening* an Beispielen erklären.
* Sie kennen Vor- und Nachteile von sequenz- und funktionsbasiertem Screening.
* Sie wissen, wie man Genomsequenzen einzelner Zellen erhalten kann.