

Modulnummer	Modulname	Verantwortlicher Dozent
BIO-MA B16	Phyloinformatik	Dr. Wanke
Inhalte und Qualitätsziele	Die Studenten beherrschen ein umfangreiches Portfolio an Computer Programmen zur Analyse von Sequenzdaten, die für eine große Anzahl phylogenetischer Fragestellungen benötigt werden. Sie können die folgenden Methoden anwenden: Alignment, InDel Kodierung, Phylogenie Rekonstruktion (Parsimony, Likelihood, Bayesian), Haplotypen Netzwerke, Berechnung der Sekundärstruktur von Introns, Ancestral Area Reconstruction, Berechnung molekularer Raten und molekulare Datierung.	
Lehr- und Lernformen	Das Modul umfasst ein Praktikum (4 SWS) und Seminar (1 SWS).	
Voraussetzungen für die Teilnahme	Grundkenntnisse molekularbiologischer Methoden wie der Generierung von Sequenzdaten. Literatur: Knoop V. & Müller K, Gene und Stammbäume.	
Verwendbarkeit	Das Modul ist eines von 11 Wahlpflichtmodulen im Schwerpunktbereich Biodiversität und Evolution im Master-Studiengang Biologie, von denen Module im Umfang von mindestens 10 Leistungspunkten zu wählen sind. Es kann zudem im Optionsbereich gewählt werden.	
Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten	Die Leistungspunkte werden erworben, wenn die Modulprüfung bestanden ist. Die Modulprüfung besteht aus einem Praktikumsprotokoll.	
Leistungspunkte und Note	Für das Modul können 5 Leistungspunkte erworben werden. Die Modulnote entspricht der Note des Praktikumsprotokolls.	
Häufigkeit des Moduls	Das Modul findet jährlich im Wintersemester statt.	
Arbeitsaufwand	150 Stunden	
Dauer des Moduls	1 Semester	