

# UniReport



Goethe-Universität | Frankfurt am Main

Satzungen und Ordnungen

**Ordnung des Fachbereichs Biowissenschaften der Johann Wolfgang Goethe-Universität für den Masterstudiengang Ökologie und Evolution mit dem Abschluss "Master of Science" (M.Sc.) vom 16. Juni 2009; zuletzt geändert am 24. Februar 2014**

**Hier: Änderung vom 23. Juni 2014**

**Genehmigt durch das Präsidium am 26. August 2014**

Aufgrund des Beschlusses des Fachbereichs Biowissenschaften vom 23. Juni 2014 wird die Ordnung für den Masterstudiengang Ökologie und Evolution mit dem Abschluss „Master of Science“ (M.Sc.) nachfolgend geändert beziehungsweise ergänzt.

## **Artikel I Änderungen**

**1. Im Anhang 1: Modulbeschreibungen für den Masterstudiengang Ökologie und Evolution,**

**Modulbeschreibungen,**

werden folgende Modulbeschreibungen zu Wahlpflichtmodulen neu aufgenommen:

MSc-ÖkEvo-A/B-1	<b>Molekulare Evolution &amp; Bioinformatik</b>				WP	15 CP			
<p><b>Inhalt:</b> Das Modul besteht aus Vorlesung, Praktikum und Seminar und behandelt ausgewählte Themen und Methoden aus den Bereichen der molekularen Evolution, der funktionellen Gen- und Genomanalyse und der Stammbaum-Rekonstruktion aus dem Blickwinkel der Bioinformatik. Die Ausweitung der DNA-Sequenzierung im Hochdurchsatz und die damit verbundene Verfügbarkeit umfassender genetischer und genomischer Sequenzinformation von nahezu jedem beliebigen Organismus bewirkt, dass die Datenbasis evolutionärer Analysen zunehmend von biologischen Sequenzen dominiert wird. Ein umfassendes Ausschöpfen des Informationsgehalts der Daten und korrekte Interpretationen sind untrennbar mit drei Fragen verbunden: Wie verarbeitet, organisiert und analysiert man Datensets aus der Hochdurchsatz-DNA Sequenzierung? Wie verändern sich DNA Sequenzen und die darin kodierten Proteine im Laufe der Zeit und was kann man aus dem Vergleich heutiger Sequenzen über deren evolutionäre Geschichte erfahren? Welche Annahmen und (evolutionären) Konzepte liegen gängigen bioinformatischen Sequenzanalyse-Algorithmen zu Grunde, und wie können diese das Ergebnis einer Analyse beeinflussen?</p> <p>Im Rahmen dieses Moduls werden theoretische Vorlesungsinhalte zum Thema Molekulare Evolution und ihre Reflexion in bioinformatischen Algorithmen und Programmen mit der praktischen Anwendung in der Analyse von simulierten und realen genomischen Datensets kleiner eukaryotischer Genome verknüpft. Im begleitenden Literaturseminar werden einzelne Themenschwerpunkte vertieft. Der Fokus wird hierbei unter anderem auf aktuellen Themen in der (Meta-)Genomsequenzierung liegen.</p> <p><b>Lern- und Qualifikationsziele:</b> Die Studierenden werden nach erfolgreichem Abschluss des Moduls mit wesentlichen Konzepten der Analyse biologischer Sequenzdatensets aus der Genomik und der Transkriptomik vor einem evolutionären Hintergrund vertraut sein. Neben dem Erlernen von bioinformatischen Standard-Werkzeugen zur Bearbeitung und Verwaltung von biologischen Sequenzdatensets sollen die Studierenden in die Lage versetzt werden, eigenständig kleine und einfach strukturierte Genome zu assemblieren und entsprechend vorgegebener funktioneller und evolutionärer Fragestellungen zu analysieren. Schwerpunkte bilden hierbei Homologie/Orthologie-Vorhersagen so wie phylogenetische und phylogenomische Analysen. Weiterhin erlernen die Studierenden den Umgang mit simulierten Daten, um die Qualität Ihrer methodischen Ansätze zu evaluieren.</p>									
<b>Angebotszyklus und Dauer des Moduls:</b> Jährlich in der ersten Hälfte des Wintersemesters (Dauer: 6 Wochen).									
<b>Teilnahmevoraussetzungen:</b> Englische Sprachkenntnisse. Vertrautheit im Umgang mit Computern ist von Vorteil.									
<b>Besondere Hinweise:</b> Die in diesem Modul erworbenen Kenntnisse bilden eine gute Grundlage für die Module B-5 und B-11.									
<b>Verwendbarkeit in anderen Studiengängen:</b> Masterstudiengänge Bioinformatik, Molekulare Biowissenschaften, Umweltwissenschaften									
<b>Studiennachweise (TN bzw. LN):</b> TN für Praktikum und Seminar.									
<b>Modulprüfung:</b> Kumulative Modulprüfung durch ein benotetes Praktikumsprotokoll mit einer Gewichtung von 50 %, einen benoteten Seminarvortrag mit einer Gewichtung von 20 % und einer Abschlussklausur (60 min) mit einer Gewichtung von 30 %.									
<b>Voraussetzung für die Vergabe der Kreditpunkte des Moduls:</b> Bei allen Veranstaltungen des Moduls handelt es sich um Pflichtveranstaltungen. Voraussetzung für die Vergabe der Kreditpunkte ist der Nachweis der Studiennachweise (s.o.) sowie das Bestehen der Modulprüfung.									
					<b>Semester/CP</b>				
<b>Lehrveranstaltung</b>	<b>Typ</b>	<b>SWS</b>	<b>CP Kontakt-studium</b>	<b>CP Selbst-studium</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	
Molekulare Evolution & Bioinformatik Vorlesung	V	2	1	2	3				
Molekulare Evolution & Bioinformatik Seminar	S	1	0,5	1,5	2				
Molekulare Evolution & Bioinformatik Praktikum	P	10	5	5	10				

MSc-ÖkEvo-B-5	<b>Evolutionäre Genomik der Vertebraten</b>				WP	15 CP		
<p><b>Inhalt:</b> Das Modul besteht aus Vorlesung, Praktikum und Seminar und behandelt ausgewählte Aspekte aus dem Themenkomplex Phylogenie, Genomik, Evolution und Adaptation. Anhand einer phylogenetischen Fragestellung bei Vertebraten (vorzugsweise Säugetiere) wird die Arbeitsweise in der genomisch orientierten, evolutionsbiologischen Forschung vermittelt. Von Gewebeproben werden nukleäre oder mitochondriale Loci sequenziert und/oder es werden exemplarisch Next-Generation-Sequencing (NGS) Daten verwendet. Die Daten werden phylogenetisch analysiert und interpretiert. Die letzten beiden Wochen sollen dazu genutzt werden, die bis hierher gewonnenen Hypothesen ggf. durch selbständig geplante und durchgeführte Experimente und Analysen zu überprüfen.</p> <p>Die Vorlesungen beginnen mit einer Einführung in das generelle Thema und die zu bearbeitenden, spezifischen Fragestellungen aus dem Bereich Evolution der Vertebraten. Das notwendige Wissen zu Evolution, Phylogenetik, Mutationen/Substitutionen, Genomik und Adaptation werden in vertiefenden Vorlesungen und Literaturseminaren vermittelt. Parallel dazu gibt es eine Einführung in NGS Daten (vorzugweise Illumina) und deren Handhabung, sowie in die Scriptsprache PYTHON, um vorhandene Programme erfolgreich verändern zu können.</p> <p>In kleinen Gruppen werden zu der phylogenetischen Fragestellung eigene Sequenzdaten produziert und/oder kleinere NGS-Datensätze ausgewertet und eigene Forschungsstrategien erarbeitet. Die konzeptionellen und theoretischen Teile werden von allen gemeinsam erarbeitet.</p> <p>Verschiedene Wissenschaftler des Biodiversität und Klima Forschungszentrums (BiK-F) und der Universität halten Gastvorlesungen in ihren Spezialgebieten (z.B. mobile genetische Elemente, Bioinformatik, Adaptation, Phylogeographie) und geben Einblicke in die aktuelle Forschung.</p> <p><b>Lern- und Qualifikationsziele:</b> Die Studierenden werden nach Abschluss des Moduls mit Themen im Bereich evolutionäre Genomik, Phylogenetik und Genomstruktur vertraut sein und eigene Forschungsfragen stellen und bearbeiten können. Es wird ein Einblick in die Verwertung von NGS Daten und mobilen genetischen Elementen vermittelt. Durch Interaktionen mit verschiedenen Wissenschaftlern aus dem BiK-F werden Einblicke in die aktuelle Forschung auf dem Gebiet gewährt. Im Praktikum sammeln Studierende Erfahrungen in molekularen Methoden der Evolutionsforschung und der Analyse von DNA Sequenzdaten. Das Modul ermöglicht das Einüben und Verbessern des Wissenschaftsenglischs.</p>								
<b>Angebotszyklus und Dauer des Moduls:</b> Jährlich in der zweiten Hälfte des Wintersemesters.								
<b>Teilnahmevoraussetzungen:</b> Englische Sprachkenntnisse.								
<b>Besondere Hinweise:</b> Als Unterrichtssprache des gesamten Moduls ist Englisch vorgesehen. Das Modul ist vernetzt mit den Modulen A/B-1 und B-11.								
<b>Verwendbarkeit in anderen Studiengängen:</b> Masterstudiengänge Bioinformatik, Molekulare Biowissenschaften und Umweltwissenschaften								
<b>Studiennachweise (TN bzw. LN):</b> Sammelschein mit TN für Praktikum und Seminar.								
<b>Modulprüfung:</b> Kumulative Modulprüfung durch ein benotetes Praktikumsprotokoll in Form eines wissenschaftlichen Manuskripts mit einer Gewichtung von 40 %, benoteten Seminarvorträgen mit einer Gewichtung von 20 % und einer Abschlussklausur mit einer Gewichtung von 30 %.								
<b>Voraussetzung für die Vergabe der Kreditpunkte des Moduls:</b> Bei allen Veranstaltungen des Moduls handelt es sich um Pflichtveranstaltungen. Voraussetzung für die Vergabe der Kreditpunkte ist der Nachweis der Studiennachweise (s.o.) sowie das Bestehen der Modulprüfung.								
					<b>Semester/CP</b>			
<b>Lehrveranstaltung</b>	<b>Typ</b>	<b>SWS</b>	<b>CP Kontakt-studium</b>	<b>CP Selbst-studium</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>
Vorlesung – PYTHON, NGS, Phylogenie, Genomik, Säugetiere, Molekulare Evolution.	V	2	1	2		3		
Seminar – Aktuelle Forschungsbeispiele, Techniken	S	1	0,5	1,5		2		
Praktikum - Evolutionäre Genomik	P	10	5	5		10		

MSc-ÖkEvo-B-11	<b>Molekulare Ökologie und Populationsgenetik</b>				WP	15 CP			
<p><b>Inhalt:</b> Das Modul besteht aus Vorlesung, Praktikum und Seminar und behandelt ausgewählte Aspekte der Molekularen Ökologie, d.h. die Beantwortung ökologischer und evolutionärer Fragen mit populationsgenetischen Methoden. Anhand realer wissenschaftlicher Fragestellungen wird mit modernen Methoden die Arbeitsweise an der Schnittstelle zwischen Ökologie und Evolution vermittelt.</p> <p>Die Vorlesung beginnt mit einer Einführung in die Populationsgenetik und den zu bearbeitenden spezifischen Fragestellungen. Dann werden wir die grundlegenden Techniken beschreiben, wichtige genetische Marker vorstellen und neue Technologien zur DNA-Sequenzierung vorstellen. Verschiedene Wissenschaftler des Biodiversität und Klima Forschungszentrums (BiK-F) und der Goethe-Universität halten Gastvorlesungen zu angrenzenden Spezialgebieten (z.B. Bioinformatik, Koaleszenz, Metabarcoding) und geben Einblicke in ihre aktuelle Forschung. Im Seminar werden wir anhand von aktueller Literatur die Themen der Vorlesung vertiefen und diskutieren.</p> <p>Im Praktikum werden die Teilnehmer in kleine Gruppen aufgeteilt, um jeweils ein Thema praktisch gründlich bearbeiten zu können. Modellorganismen sind Zuckmücken, Schlammschnecken und Guppies. Wenn möglich und sinnvoll werden die Proben aus dem Freiland gesammelt. Sie werden mit Hilfe von DNA Techniken im Labor charakterisiert und die Daten statistisch, ökologisch und populationsgenetisch analysiert. Die letzten beiden Wochen sollen dazu genutzt werden, die bis hierher gewonnenen Hypothesen ggf. durch selbständig geplante und durchgeführte Experimente und Analysen zu überprüfen.</p> <p><b>Lern- und Qualifikationsziele:</b> Die Studierenden werden nach Abschluss des Moduls mit Themen und Konzepten im Bereich der molekularen Ökologie und Populationsgenetik vertraut sein und eigene Forschungsfragen stellen und bearbeiten können. Es wird ein Einblick in die Verwertung von NGS Daten vermittelt. Durch Interaktionen mit verschiedenen Wissenschaftlern aus dem Biodiversität und Klima Forschungszentrum und der Goethe-Universität werden Einblicke in die aktuelle Forschung auf dem Gebiet gewährt. Im Praktikum sammeln Studierende Erfahrungen mit molekularen Methoden der Biodiversitätserfassung und der populationsgenetischen Analyse von DNA Sequenzdaten. Das Modul ermöglicht das Einüben und Verbessern des Wissenschaftsenglisch.</p> <p><b>Angebotszyklus und Dauer des Moduls:</b> Jährlich in der zweiten Hälfte des Sommersemesters (Dauer: 6 Wochen), Exkursion (Teil des Praktikums) gegebenenfalls in der vorlesungsfreien Zeit.</p> <p><b>Teilnahmevoraussetzungen:</b> Englische Sprachkenntnisse. Der Besuch des Moduls „Molekulare Evolution und Bioinformatik“ ist von Vorteil.</p> <p><b>Besondere Hinweise:</b> Als Unterrichtssprache des gesamten Moduls ist Englisch vorgesehen. Das Modul ist vernetzt mit den Modulen A-7, B-2, B-5 und A/B-1.</p> <p><b>Verwendbarkeit in anderen Studiengängen:</b> Masterstudiengänge Bioinformatik, Molekulare Biowissenschaften, Umweltwissenschaften.</p> <p><b>Studiennachweise (TN bzw. LN):</b> TN für Praktikum und Seminar.</p> <p><b>Modulprüfung:</b> Kumulative Modulprüfung durch ein benotetes Praktikumsprotokoll mit einer Gewichtung von 50 %, einen benoteten Seminarvortrag mit einer Gewichtung von 20 % und eine Abschlussklausur (60 min) mit einer Gewichtung von 30 %.</p> <p><b>Voraussetzung für die Vergabe der Kreditpunkte des Moduls:</b> Bei allen Veranstaltungen des Moduls handelt es sich um Pflichtveranstaltungen. Voraussetzung für die Vergabe der Kreditpunkte ist der Nachweis der Studiennachweise (s.o.) sowie das Bestehen der Modulprüfung.</p>									
								<b>Semester/CP</b>	
<b>Lehrveranstaltung</b>	<b>Typ</b>	<b>SWS</b>	<b>CP Kontaktstudium</b>	<b>CP Selbststudium</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	
Vorlesung - Adaptation, Nischenevolution, Ausbreitung	V	2	1	2	3				
Seminar - Aktuelle Forschungsbeispiele	S	1	0,5	1,5	2				
Praktikum - evolutionäre und ökolog. Genomik	P	10	5	5	10				

**2. Das Wahlpflichtmodul MSc-ÖkEvo-B-3 mit dem Titel „Ökotoxikologie“ erhält in der Rubrik „Lehrveranstaltung“ folgende neue Fassung:**

MSc-ÖkEvo-B-3	<b>Ökotoxikologie</b>				WP	15 CP			
...									
					<b>Semester/CP</b>				
<b>Lehrveranstaltung</b>	<b>Typ</b>	<b>SWS</b>	<b>CP Kontakt-studium</b>	<b>CP Selbst-studium</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	
Vorlesung Ökotoxikologie	V	2	1	2	3				
Seminar Ökotoxikologie	S	1	0,5	1,5	2				
Praktikum Aquatische Ökotoxikologie	P	10	5	5	10				

**Artikel II**  
**In-Kraft-Treten**

Die Änderung der Ordnung für den Masterstudiengang Ökologie und Evolution treten am Tage nach Ihrer Veröffentlichung im UniReport in Kraft.

Frankfurt am Main, 1. September 2014

**Prof. Dr. Anna Starzinski-Powitz**

Dekanin des Fachbereichs Biowissenschaften

## **Impressum**

UniReport Satzungen und Ordnungen erscheint unregelmäßig und anlassbezogen als Sonderausgabe des UniReport. Die Auflage wird für jede Ausgabe separat festgesetzt.

Herausgeber Der Präsident der Johann Wolfgang Goethe-Universität Frankfurt am Main