

# Synopse

**Zweiter Beschluss des Fachbereichs 08 – Biologie und Chemie – vom 27.11.2013  
zur Änderung der Speziellen Ordnung für den Master-Studiengang „Bioinformatik und Systembiologie“  
der Fachbereiche 07-11 der JLU Gießen und des Fachbereich 06 der THM vom 04.07.2012  
zuletzt geändert durch den 1. Beschluss des FB 08 vom 12.12.2012**

## **I. § 3 erhält folgende Fassung**

(1) Für den Zugang zum Master-Studiengang Bioinformatik und Systembiologie werden folgende Bachelor-Studiengänge anerkannt:

- Bachelor of Science in Bioinformatik
- Bachelor of Science in Biologie
- Bachelor of Science in Informatik

(2) Der Prüfungsausschuss kann weitere Studiengänge nach Einzelfallprüfung als gleichwertig anerkennen, wenn insgesamt mindestens 18 CPs in den Fächern Mathematik/Statistik, Biologie und/oder Informatik nachgewiesen werden können.

~~(3) In jedem Fall ist eine Prädikatsnote („Gut“ oder besser) gemäß § 29 AllB erforderlich.~~

~~(4) Für den Zugang zum Masterstudium werden zusätzlich zur Prädikatsnote die Ergebnisse eines Interviewverfahrens zu den Themengebieten Biologie, Mathematik und Bioinformatik in deutscher und englischer Sprache berücksichtigt. Die Zulassung setzt das Bestehen des Interviews voraus.~~

~~(5) Zu den Interviews lädt der Prüfungsausschuss mit einer Frist von 2 Wochen innerhalb von 6 Wochen nach Beendigung der Bewerbungsfrist ein. Die jeweils 2 Prüfer für die drei Interviewstationen werden vom Prüfungsausschuss bestimmt.~~

~~(6) Als Ergebnis des Auswahlverfahrens werden individuelle Studienpläne für das 1. Semester festgelegt.~~

~~(37) Die Zulassung kann Auflagen, insbesondere für später zu wählende Schwerpunktfächer, von zusätzlich zu erbringenden Studienleistungen im Umfang von bis zu 15 CPs enthalten, die innerhalb der ersten 2 Fachsemester nachzuweisen sind. Diese gehören nicht zum Leistungsumfang des Masterstudiengangs.~~

(4) Der Prüfungsausschuss legt im Benehmen mit jedem Studierenden einen individuellen Studienplan für das 1. Fachsemester fest.

## **II. § 10 erhält folgende Fassung**

(1) Das Prüfungsverfahren und die Notenbildung (in Prozentanteilen) sind in den Modulbeschreibungen (Anlage 2) festgelegt.

(2) Es werden keine Ausgleichsprüfungen durchgeführt.

~~(3) Prüfungsformen sind mündliche Prüfungen, Klausuren, Protokolle, Übungsaufgaben, Präsentationen (schriftlich oder mündlich), Berichte und die Abschlussarbeit (Masterthesis). Die Form der Prüfungen ist in den jeweiligen Modulbeschreibungen angegeben (Anlage 2). Für die Bewertung der Prüfungsleistungen gelten die §§ 28 und 29 AllB. Die Festlegung der Prüfungsformen wird zu Beginn des Moduls bekanntgegeben.~~

~~(43) Es wird eine erste Wiederholungsprüfung in der in der Modulbeschreibung genannten Form durchgeführt. Eine zweite Wiederholungsprüfung findet in Form einer mündlichen Prüfung statt; Abweichungen von der Form der Prüfungen legt der Prüfungsausschuss fest. Die Formen der Prüfungen werden zu Beginn des Moduls bekanntgegeben.~~

~~(4) Prüfungsformen sind mündliche Prüfungen, Klausuren, Protokolle, Übungsaufgaben, Präsentationen (schriftlich oder mündlich), Berichte und die Abschlussarbeit (Masterthesis). Die Form der Prüfungen ist in den~~

jeweiligen Modulbeschreibungen angegeben (Anlage 2). Für die Bewertung der Prüfungsleistungen gelten die §§ 28 und 29 AIB.

(5) Die Prüfung kann nach Entscheidung der Prüfungskommission als Gruppenprüfung durchgeführt werden.

(6) Die Dauer einer mündlichen Prüfung beträgt je Prüfling und Fach mindestens 15 Minuten und maximal 45 Minuten.

(7) Die Dauer einer Klausur beträgt mindestens 45 Minuten und maximal 180 Minuten.

### III. §13 Abs. 7 wird gestrichen

(7) Für die Zeit vom 1. April 2012 bis zum 31. März 2013 wird ein erster Prüfungsausschuss eingesetzt, der bevorzugt aus Mitgliedern der Kommission zur Einrichtung des Studiengangs „Bioinformatik und Systembiologie“ gebildet wird. Er folgt in seiner Zusammensetzung soweit möglich Abs. (1) (4). Je ein Vertreter und Stellvertreter der Gruppe der Studierenden soll aus dem Bachelorstudiengang Biologie der JLU sowie aus dem Bachelorstudiengang Bioinformatik der THM entsendet werden. Die vorgeschlagenen Mitglieder dieses ersten Prüfungsausschusses werden von allen Fachbereichsräten der beteiligten Fachbereiche mit Verabschiedung dieser Ordnung im Amt bestätigt.

### IV. Die Anlage I – Studienverlaufsplan erhält folgende Fassung:

## Master - Studiengang Bioinformatik und Systembiologie

<b>Semester</b>	<b>4.</b>	<b>Masterthesis</b>	M-BS4-THE (30 CP) Masterthesis mit Begleitseminar				semesterbegleitende Zusatzmodule
	<b>3.</b>	<b>Forschungsvorbereitung</b>	M-BS3-BP1 (12 CP) Erweitertes Berufsfeldpraktikum	erweitert M-BS3-BP (6 CP) Berufsfeldpraktikum	M-BS3-ISW (6 CP) Introduction to scientific Work and Thesis Preparation		M-BS3-SS1 (3 CP) Spezialseminar I
	<b>3.</b>	<b>Individueller Zeitplan</b>	M-BS3-LP1 (6 CP) Laborpraktikum 1	M-BS3-LP2 (6 CP) Laborpraktikum 2	M-BS3-PP (6 CP) Projektpraktikum		M-BS3-SS2 (3 CP) Spezialseminar II
	<b>Wahl des Betreuer der Thesis, individuell verbindliche Planung des 2. Studienjahres</b>						
	<b>2.</b>	<b>Vertiefung</b>	M-BS2-S1B (6 CP) Schwerpunktmodul 1 Teil B	M-BS2-S2B (6 CP) Schwerpunktmodul 2 Teil B	M-BS2-S3B (6 CP) Schwerpunktmodul 3 Teil B	M-BS2-S4B (6 CP) Schwerpunktmodul 4 Teil B	M-BS2-MAS (3 CP) Moderne Aspekte der Bioinformatik und Systembiologie
	<b>2.</b>	<b>1. Sem-Hälfte</b>	M-BS2-S1A (6 CP) Schwerpunktmodul 1 Teil A	M-BS2-S2A (6 CP) Schwerpunktmodul 2 Teil A	M-BS2-S3A (6 CP) Schwerpunktmodul 3 Teil A	M-BS2-S4A (6 CP) Schwerpunktmodul 4 Teil A	M-BS2-MTS (3 CP) Methodenseminar
	<b>Wahl von 2 Schwerpunkten</b>						
	<b>1.</b>	<b>Kerncurriculum</b>	M-BS1-ES (12 CP) Einführung in die Schwerpunkte des Studiengangs				M-BS1-ZQ1 (3 CP) Zusatzqualifikation 1
	<b>1.</b>	<b>1. Sem-Hälfte</b>	M-BS1-MAT (6 CP) Mathematische Grundlagen	M-BS1-Bio (6 CP) Grundlagen der Biologie	oder	M-BS1-INF (6 CP) Grundlagen der Informatik	M-BS1-ZQ2 (3 CP) Zusatzqualifikation 2
	<b>Erstellung von individuellen Studienplänen für das 1. Fachsemester</b>						
<b>Schwerpunkte des Studiums</b>	Schwerpunkt 1: Entwicklung innovativer Algorithmen der Bioinformatik	Schwerpunkt 2: Genomik, Transkriptomik, Proteomik und Metabolomik („molekulare“ Systembiologie)	Schwerpunkt 3: Modellierung von komplexen biologischen Prozessen und Systemen	Schwerpunkt 4: Hochdurchsatz-Datenanalyse			

V. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS1-INF folgende Fassung:

M-BS1-INF		Grundlagen der Informatik	1. Sem.	6 CP
Kompetenzziele	Die Studierenden verstehen Algorithmen und Strukturen der Informatik. Sie können:			
	<ul style="list-style-type: none"> <li>die grundlegenden Datenstrukturen und Algorithmen sinnvoll auswählen und umsetzen,</li> <li>Leistungsparameter von Algorithmen abschätzen und optimieren.</li> <li>Mit dem Betriebssystem Linux arbeiten, sowie Arbeitsabläufe mit Hilfe von Skripten automatisieren.</li> </ul> Die Studierenden verstehen die Konzepte von Datenbankmanagementsystemen, sie sind befähigt, einfache Datenmodelle zu entwickeln und beherrschen Grundlagen der Standard-Datenbanksprache SQL.			
Modulinhalte	<ul style="list-style-type: none"> <li>Einführung in Grundlagen der Informatik und die Funktionsweise von Computern</li> <li>Betriebssysteme und Programmiersprachen</li> <li>Unix und Skriptprogrammierung (Shell- und Perl-Skripte)</li> <li>Überblick über das Datenbank-Management, Datenbankarchitektur, Datenunabhängigkeit, Datenmodelle</li> <li>SQL, Relationen, relationale Algebra, Datenbankintegrität.</li> <li>Effizienz von Algorithmen (Laufzeit, Speicherbedarf)</li> <li>Suchen und Sortieren: Konzepte und Anwendungen in Frameworks</li> <li>Einführung in Datenbanken, einfache Datenmodelle</li> <li>Einführung in SQL,</li> <li>Programmierung von Datenbank Zugriffen (JDBC)</li> </ul>			
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	Abgabe von Übungsblättern		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Klausur (90 min) oder mündliche Prüfung (30 - 45 min)		
	Bildung der Modulnote	Klausur oder mündliche Prüfung (100%)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Klausur (90 min) oder mündliche mündliche Prüfung (30 – 45 min)		

VI. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS1-ZQ1A folgende Fassung:

M-BS1-ZQ1A		Statistische Modelle in der Bioinformatik und Systembiologie	1. Sem.	3 CP
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	keine		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Klausur (90 min), Übungsaufgaben		
	Bildung der Modulnote	Klausur (50 %), Übungsaufgaben (50/100%)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Klausur (90 min), mündliche Prüfung (30-45 min)		

VII. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS1-ZQ2A folgende Fassung:

M-BS1-ZQ2A		Methoden der Biologie	1. Sem.	3 CP
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	Keine		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Klausur (90 min) oder mündliche Prüfung (30-45 min)		
	Bildung der Modulnote	Klausur oder mündliche Prüfung (100%)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Klausur (90 min) oder mündliche Prüfung (30-45 min)		

VIII. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-S1A folgende Fassung:

M-BS2-S1A		Algorithmen der Bioinformatik Teil 1	2. Sem.	6 CP
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	Abgabe von Übungsaufgaben		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Klausur (90 min) oder mündliche Prüfung (30-45 min)		
	Bildung der Modulnote	Klausur oder mündliche Prüfung (100 %)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Klausur (90 min) oder mündliche Prüfung (30-45 min)		

**IX. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-S1B folgende Fassung:**

<b>M-BS2-S1B</b>		<b>Algorithmen der Bioinformatik Teil 2</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>6 CP</b>
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	Abgabe von Übungsaufgaben		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Klausur (90 min) <u>oder mündliche Prüfung (30-45 min)</u> , Vortrag		
	Bildung der Modulnote	Klausur <u>oder mündliche Prüfung (70%)</u> , Vortrag (30%)		
	Form der Wiederholungsprüfung	mündliche Prüfung (30 – 45 min)		

**X. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-S2A folgende Fassung:**

<b>M-BS2-S2A</b>		<b>Molekulare Systembiologie Teil 1</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>6 CP</b>
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	<u>Keine 40 h Praktikum absolviert</u>		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Praktikumsprotokoll, Vortrag		
	Bildung der Modulnote	Praktikumsprotokoll (70 %), Vortrag (30 %)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Mündliche Prüfung (30 – 45 min)		

**XI. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-S2B folgende Fassung:**

<b>M-BS2-S2B</b>		<b>Molekulare Systembiologie Teil 2</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>6 CP</b>
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	<u>Keine 40 h Praktikum absolviert</u>		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Praktikumsprotokoll, Vortrag		
	Bildung der Modulnote	Praktikumsprotokoll (70 %), Vortrag (30 %)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Mündliche Prüfung (30 – 45 min)		

**XII. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-S4A folgende Fassung:**

<b>M-BS2-S4A</b>		<b>Hochdurchsatzdatenanalyse Teil 1</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>6 CP</b>
Kompetenzziele	Die Studierenden sollen	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <u>über praktische Kenntnisse zur automatisierten Verarbeitung und Analyse von Hochdurchsatzdaten verfügen.</u></li> <li>• <u>die Grundlagen der in Hochdurchsatztechnologien angewandten statistischen und bioinformatische Methoden verstehen und anwenden können.</u></li> <li>• <u>über Kenntnisse von effizienten Datenstrukturen in Hochdurchsatztechnologien verfügen.</u></li> <li>• <u>in der Lage sein, kritisch mit Hochdurchsatzdaten umzugehen und diese effizient analysieren und modellieren können.</u> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <del>über praktische Kenntnisse im Umgang mit Biomaterialien und deren Aufarbeitung zur weiteren Verwendung in Hochdurchsatzmethoden verfügen.</del></li> <li>• <del>die Grundlagen der in Hochdurchsatztechnologien angewandten statistischen und bioinformatische Methoden verstehen und anwenden können.</del></li> <li>• <del>über Kenntnisse von effizienten Datenstrukturen in Hochdurchsatztechnologien verfügen.</del></li> <li>• <del>in der Lage sein, kritisch mit Hochdurchsatzdaten umzugehen und diese effizient analysieren und modellieren können.</del></li> </ul> </li> </ul>		

Modulinhalte	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <u>Praktische Bearbeitung und Aufarbeitung von Rohdaten aus Hochdurchsatzanalysen</u></li> <li>• <u>Erstellung von Analyse-Pipelines bzw. die Anwendung publizierter Analyse-Pipelines zur Erfassung, Qualitätskontrolle und Prozessierung von Hochdurchsatzdaten</u></li> <li>• <u>Modellierung und Interpretation der funktionellen Zusammenhänge anhand der <b>Ergebnisse aus Hochdurchsatzanalysen</b></u></li> <li>• <u>Öffentliche Datenbanken zur Speicherung von Hochdurchsatzdaten und deren Schnittstellen/ Data-mining</u> <ul style="list-style-type: none"> <li>• <del>Praktische Bearbeitung und Aufarbeitung von Biomaterialien für nachfolgende Hochdurchsatzanalyse</del></li> <li>• <del>Erstellung von Analyse-Pipelines bzw. die Anwendung publizierter Analyse-Pipelines zur Erfassung, Qualitätskontrolle und Prozessierung von Hochdurchsatzdaten</del></li> <li>• <del>Modellierung und Interpretation der funktionellen Zusammenhänge anhand der Ergebnissen der Hochdurchsatzanalysen</del></li> <li>• <del>Öffentliche Datenbanken zur Speicherung von Hochdurchsatzdaten und deren Schnittstellen/ Data-mining</del></li> </ul> </li> </ul>	
	Prüfungsvorleistung(en)	keine
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Klausur (90 min) <u>oder</u> mündliche Prüfung (30 – 45 min), <u>Übungsaufgaben</u>
	Bildung der Modulnote	Klausur <u>oder</u> mündliche Prüfung (100 <del>50</del> %), <u>Übungsaufgaben (50%)</u>
Modulprüfung	Form der Wiederholungsprüfung	Klausur (90 min) <u>oder</u> mündliche Prüfung (30 – 45 min)

### XIII. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-S4B folgende Fassung:

M-BS2-S4B		Hochdurchsatzdatenanalyse Teil 2		2. Sem.	6 CP	
Kompetenzziele	Die Studierenden sollen <ul style="list-style-type: none"> <li>• <u>fortgeschrittene bioinformatische Programmierkenntnisse zur Analyse von Hochdurchsatzdaten sicher anwenden können</u></li> <li>• <u>in der Lage sein, aus verschiedenen Hochdurchsatztechnologien stammende komplexe Datensätze integrativ analysieren zu können</u></li> <li>• <u>in der Lage sein aus Hochdurchsatztechnologien stammende Daten systembiologisch zu interpretieren</u></li> <li>• <u>komplexe Hochdurchsatzdaten funktionell interpretieren können</u></li> <li>• <u>aus Hochdurchsatzdaten experimentell testbare Hypothesen ableiten können</u></li> <li>• <u>effektiv bioinformatische Analysen gegenüber multidisziplinären Arbeitsgruppen kommunizieren können.</u></li> <li>• <del>in der Lage sein, aus verschiedenen Hochdurchsatztechnologien stammende komplexe Datensätze integrativ analysieren zu können</del></li> <li>• <del>in der Lage sein aus Hochdurchsatztechnologien stammende Daten systembiologisch zu interpretieren</del></li> <li>• <del>komplexe Hochdurchsatzdaten funktionell interpretieren können</del></li> <li>• <del>aus Hochdurchsatzdaten experimentell testbare Hypothesen ableiten können</del></li> <li>• <del>effektiv bioinformatische Analysen gegenüber multidisziplinären Arbeitsgruppen kommunizieren können.</del></li> </ul>					
	Modulinhalte	<ul style="list-style-type: none"> <li>• <u>Praxisorientierte Vertiefung der bioinformatischen Programmierkenntnisse durch die beispielhafte Auswertung von Hochdurchsatzdaten</u></li> <li>• <u>Analyse komplexer Datensätze aus Hochdurchsatzexperimenten</u></li> <li>• <u>Integration von systembiologisch relevanten Hochdurchsatzdaten aus verschiedensten (öffentlichen) Quellen</u></li> <li>• <del>Analyse komplexer Datensätze aus Hochdurchsatzexperimenten</del></li> <li>• <del>Integration von Daten internationaler Konsortien, die systembiologisch relevante Hochdurchsatzdaten im Hochdurchsatz generieren (z.B. ENCODE, 1000 Genomes Project, HapMap etc.)</del></li> <li>• Vorstellung der ermittelten Ergebnisse</li> <li>• Vorstellung aktueller Literatur</li> </ul>				
Lehrveranstaltungsform(en)		Vorlesung ( <del>50</del> 29 %) / Übung ( <del>50</del> 71 %)				
Workload in Stunden	Workload insgesamt	180 Stunden = 6 ECTS-Credits				
	Veranstaltungsart und Veranstaltungstitel		A Lehrveranstaltungen	B selbst gestaltete Arbeit	C Prüfung incl. Vor-bereitung	
			a Präsenz-stunden	b Vor- / Nach-bereitung		<b>Summe</b>
	V	Vorlesung	<del>30</del> 20	30		<b>60</b> <del>50</del>
	Ü	Übung	40	50		<b>100</b> <del>110</del>
	V	Vortrag			20	<b>20</b>
<b>Summe</b>		<b>70</b>	<b>90</b>	<b>20</b>	<b>180</b>	

**XIV. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-MTS2 folgende Fassung:**

<b>M-BS2-MTS2</b>		<b>Metabolomanalyse</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>3 CP</b>
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	<del>Keine</del> 20 h Praktikum absolviert		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Praktikumsprotokoll, Vortrag		
	Bildung der Modulnote	Praktikumsprotokoll (70 %), Vortrag (30 %)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Mündliche Prüfung (30 – 45 min)		

**XV. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-MTS3 folgende Fassung:**

<b>M-BS2-MTS3</b>		<b>Methoden in der Proteinanalytik</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>3 CP</b>
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	<del>Keine</del> 20 h Praktikum absolviert		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Praktikumsprotokoll, Vortrag		
	Bildung der Modulnote	Praktikumsprotokoll (70 %), Vortrag (30 %)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Mündliche Prüfung (30 – 45 min)		

**XVI. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-MTS4 folgende Fassung:**

<b>M-BS2-MTS4</b>		<b>Transkriptomik</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>3 CP</b>
Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	<del>Keine</del> 20 h Praktikum absolviert		
	Prüfungsform(en) (Umfang)	Praktikumsprotokoll, Vortrag		
	Bildung der Modulnote	Praktikumsprotokoll (70 %), Vortrag (30 %)		
	Form der Wiederholungsprüfung	Mündliche Prüfung (30 – 45 min)		

**XVII. In der Anlage 2 (Modulbeschreibungen) erhält das Modul M-BS2-MTS5 folgende Fassung:**

<b>M-BS2-MTS5</b>		<b>Genomik/Metagenomik</b>	<b>2. Sem.</b>	<b>3 CP</b>
Modulinhalte	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Überblick über die wichtigsten Methoden der Genom- bzw. Metagenomanalyse</li> <li>• Erarbeitung einer Genom- bzw. Metagenomanalyse-Methode durch Literaturstudium anhand von Primärliteratur</li> <li>• Präsentation einer Genom- bzw. Metagenomanalyse im Rahmen eines Seminarvortrages</li> <li>• Isolierung von chromosomaler DNA von z.B. Bakterien und Bakterienpopulationen aus unterschiedlichen ökologischen Nischen</li> <li>• Klonierung von chromosomaler DNA in Plasmid-, Fosmid und BAC-Vektoren</li> <li>• Herstellung von Klon- und Sequenzierungsbibliotheken, Qualitätskontrolle von Klon- und Sequenzierungsbibliotheken, Lagerung von Klon- und Sequenzierungsbibliotheken</li> <li>• Isolierung von Plasmiden, Fosmiden and BAC-<del>DANN</del>DNA</li> <li>• DNA-Sequenzierung, operatives Arbeiten mit DNA-Sequenzierungsgeräten</li> <li>• Bioinformatische Analyse von primären DNA-Sequenzierungsdaten, Generierung und Assemblierung von Contig-Daten</li> </ul>			
	Modulprüfung	Prüfungsvorleistung(en)	<del>Keine</del> 20 h Praktikum absolviert	
Prüfungsform(en) (Umfang)		Praktikumsprotokoll, Vortrag		
Bildung der Modulnote		Praktikumsprotokoll (70 %), Vortrag (30 %)		
Form der Wiederholungsprüfung		Mündliche Prüfung (30 – 45 min)		