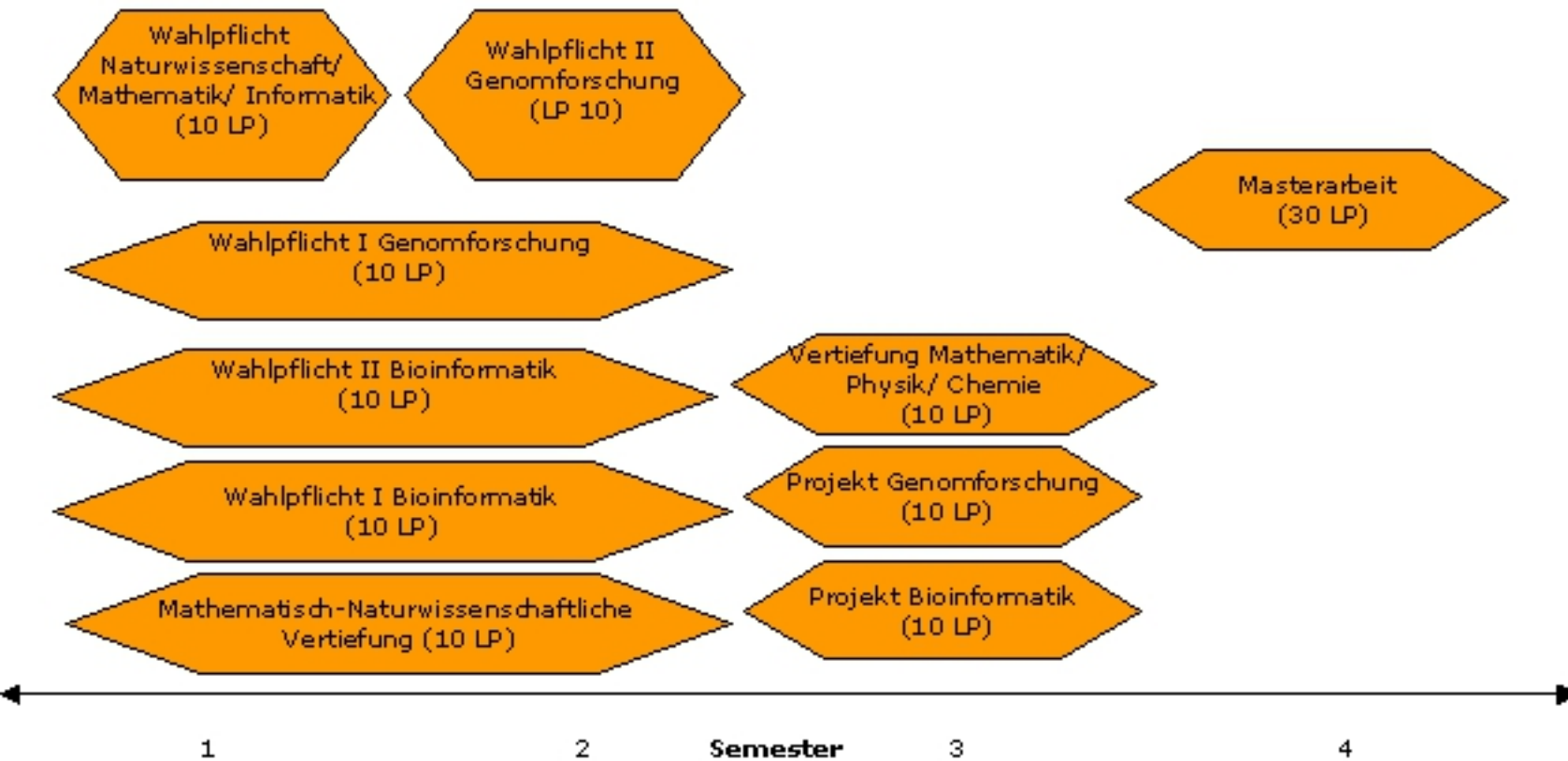


Wann studiere ich was?

Netzpläne zeigen den empfohlenen Studienplan. Sie unterscheiden zwischen der **vorgeschriebenen Reihenfolge**, die durch **Pfeile** gekennzeichnet ist, und der **empfohlenen Reihenfolge**, die sich aus der **Semesterangabe** ergibt.

Sie dürfen von der empfohlenen Reihenfolge der Module abweichen, sofern Sie die durch die Pfeile angezeigten Zugangsvoraussetzungen einhalten. Ziehen Sie aber bitte die Infos des Faches und die **Studienberatung** hinzu, bevor Sie einen abweichenden Studienablauf planen. Oft ist es dringend geboten, die empfohlene Reihenfolge einzuhalten, weil die Module zumindest in Teilen aufeinander aufbauen.



Modulhandbuch Bioinformatik und Genomforschung (M.Sc.)

Master NWI (english)

- [Algorithms in Genome Research](#)
- [Algorithmic stochastics in \(bio\)informatics](#)

Technische Fakultät

- [Algorithmen in der Genomforschung](#)
- [Algorithmische Stochastik in der Bioinformatik](#)
- [Analyse Metabolischer Netzwerke](#)
- [Angewandte Bioinformatik](#)
- [Informationssysteme in der molekularen Bioinformatik](#)
- [Mathematisch-Naturwissenschaftliche Vertiefung](#)
- [Medizinische Wissensverarbeitung](#)
- [Parallele Datenverarbeitung](#)
- [Vertiefung Sequenzanalyse](#)
- [Visualisierungsansätze für Biodaten \(BioVITAL\)](#)
- [Informatische Methoden fuer die Datenanalyse](#)
- [Interdisziplinäre ZellVisualisierung](#)

Fakultät für Biologie

- [Bakterielle Genomforschung](#)
 - [Biochemische Analytik in der funktionellen Genomforschung](#)
 - [Eukaryotische Genomforschung](#)
-

Algorithms in Genome Research

Title

- Algorithms in Genome Research

Courses

- Algorithms in Genome Research (Lectures and Exercises)
- Bioinformatics Applications in Genome Research (Practical Course)

Responsible person

- [Prof. Dr. Jens Stoye, AG Genominformatik](#)

Contents

This module covers various bioinformatics techniques that are being applied in genome research. This includes algorithms for genomic mapping and assembly, methods for functional genome annotation (gene finding and gene function prediction), algorithms for the analysis of DNA microarrays and mass spectra, methods and models for protein structure prediction, and algorithms for comparative genomics.

Skills

Students of this module will become familiar with current bioinformatics techniques for genome research and achieve practical experience with these methods. This includes the basic mathematical and algorithmical techniques and some of the software tools implementing these methods. The practical course also includes implementation of some smaller programs which will then be tested on real data.

Number of achievements

1 graded and 1 not graded examination

Forms of examination

- Oral examination about the contents of the lecture (graded)
- Independent solving of practical exercises (not graded)

Conditions for ECTS acquisition

Passing of the oral examination: 5 ECTS

Successful solving of the practical exercises: 5 ECTS

Workload and ECTS

Algorithms in Genome Research: 150h

Bioinformatics Applications in Genome Research: 150h

Total: 10 ECTS

Prerequisites

Recommended: Basic knowledge in Algorithms and Data Structures, Sequence Analysis and Genome Research

Type and usability

Module for the Master's courses:

- Bioinformatics and Genome Research (WP Bioinformatics), 1. + 2. Semester
- Informatik in the Natural Sciences (Advanced Computer Science), 1. + 2. Semester
- Molecular Biotechnology (Spezialisierung Biologie/Bioinformatik/Genome Research), 1. + 2. Semester

The Practical Course "Bioinformatics Applications in Genome Research" is also part of the module "Applied Bioinformatics". Therefore only one of these modules may be accepted.

Duration

Winter term: Algorithms in Genome Research

Summer term: Bioinformatics Applications in Genome Research
every year

Algorithmic stochastics in (bio)informatics

Title

- Algorithmic stochastics in (bio)informatics

Courses

- Algorithmic stochastics in (bio)informatics (Lectures and Exercises)
- Case studies in algorithmic stochastics in (bio)informatics, or Biostatistics (Seminar)

Responsible person

- [Prof. Dr. Ellen Baake](#)

Contents

Many complex problems in bioinformatics and informatics in the sciences (like alignment, gene finding, inference from population sequence data) cannot be solved efficiently with deterministic algorithms; instead, one often resorts to stochastic methods. Starting from the basics of probability theory and statistics, this module lays the foundations of algorithmic stochastics (computing with very small probabilities; random number generation; sampling from various distributions; transformation method and rejection method) and then proceeds to Monte-Carlo integration, importance sampling, rare event simulation, and Markov chain Monte Carlo methods.

There is a selection of two seminars:

1. Case studies in algorithmic stochastics: In this seminar, concrete applications from the current research literature will be discussed.
2. Biostatistics: The output of stochastic simulations, as well as data sets in general, need statistic analysis in order to verify assumptions on parameters, or to obtain statements about the statistic significance of the results. Therefore, the essentials of biostatistics are worked out here (confidence intervals, statistical tests, multivariate data analysis, linear and nonlinear regressions).

Skills

The lecture course focusses on the various methods and techniques as 'tools' for a wide spectrum of problems from bioinformatics and informatics in the sciences. The students learn to think in terms of probabilities and to deal with probability distributions and their numerical properties. In the assignments, they will be asked to apply the methods to new problems. The assignments also contain programming exercises, in which the methods presented in the lecture are to be implemented and applied. In the seminar, students deal with the interface to the current research literature, or with the statistical analysis of a wide variety of data sets, respectively.

Number of achievements

1 graded and 1 not graded examination or 2 not graded examinations

Forms of examination

- Winter term: Portfolio of Exercises (Pass: 50% of the achievable points, individual demonstration of exercises) and written test (90-120 min) or oral examination(20-30 min). The exercises as part of this portfolio will usually be handed out weekly.
Written test or oral exam are about the Lectures and Exercises.

- Summer term: Talk and written report (Case studies seminar) or solving of exercises and written report (Biostatistics seminar)

Conditions for ECTS acquisition

- Winter term: Participation in the Exercises and passing of the Portfolio: 7 ECTS
- Summer term: Participation in the Seminar, Talk and Written report (Case studies) or Written report (Biostatistics): 3 ECTS

Workload and ECTS

Algorithmic stochastik: 210h

Case studies in algorithmic stochastics or Biostatistics: 90h

Total: 10 ECTS

Prerequisites

Mathematics for Computer Scientists I and II,

Mathematical methods of biosciences I and II, Sequence Analysis

Helpful: Basic knowledge of numerical mathematics

Type and usability

Module for the Bachelor's course

- Bioinformatics and Genome Research (WP Bioinformatics and Genome Research)

Module for the Master's courses

- Bioinformatics and Genome Research (Advanced Mathematics/Physics/Chemistry)
- Informatics in the Natural Sciences (Advanced Natural Sciences)

Duration

Winter term, every year

Algorithmen in der Genomforschung

Modultitel

- Algorithmen in der Genomforschung

Modultitel (Englisch)

- Algorithms in Genome Research

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Algorithmen in der Genomforschung (Vorlesung und Übungen)
- Bioinformatische Anwendungen in der Genomforschung (Praktikum)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Jens Stoye, AG Genominformatik](#)

Lehrinhalte

In diesem Modul werden verschiedene bioinformatische Techniken in der Genomforschung behandelt. Hierunter fallen Algorithmen zur Genomkartierung und -assemblierung, Methoden zur funktionellen Genomannotation, insbesondere Genvorhersage und -funktionsbestimmung, Verfahren zur Analyse von DNA-Microarrays und Massenspektren, Methoden und Modelle zur Proteinstrukturvorhersage sowie Algorithmen zum Vergleich zweier oder mehrerer Genome.

Kompetenzen

Die Studierenden sollen aktuelle bioinformatische Methoden der Genomforschung kennenlernen und praktische Erfahrung mit diesen sammeln. Dies umfasst sowohl die zugrundeliegenden mathematischen und algorithmischen Techniken als auch die Kenntnis geeigneter Softwarewerkzeuge, die diese Techniken implementieren. Im Praktikum sollen auch kleinere Eigenentwicklungen erstellt und an realen Daten getestet werden.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

- benotete mündliche Prüfung über die Inhalte der Vorlesung
- selbstständige Bearbeitung von Praktikumsaufgaben

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der mündlichen Prüfung ergibt 5 LP

Erfolgreiche Bearbeitung der Praktikumsaufgaben ergibt 5 LP

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Algorithmen in der Genomforschung:

Vorlesung

Nachbereitung der Vorlesung

Übungen

2 SWS x 16 Wochen = 30h

	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Vorbereitung der Übungen	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Vorbereitung auf die mündliche Prüfung	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
gesamt: 150h = 5 LP		= 60h

Bioinformatische Anwendungen
in der Genomforschung (Block,
4 Wochen x 4 Tage):

Praktikum (Block)	16 Tage x 7h	= 110h
Vorbereitung des Praktikums	16 Tage x 0,5h	= 10h
Nachbereitung des Praktikums	16 Tage x 1,5h	= 30h
gesamt: 150h = 5 LP		

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Empfohlen: Grundkenntnisse in Algorithmen und Datenstrukturen, Sequenzanalyse und Genomforschung

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik), 1. + 2. Semester
- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik), 1. + 2. Semester
- Molekulare Biotechnologie (Spezialisierung Biologie/Bioinformatik/Genomforschung), 1. + 2. Semester

Das Praktikum "Bioinformatische Anwendungen in der Genomforschung" ist auch Bestandteil des Moduls "Angewandte Bioinformatik". Aus diesem Grund kann nur eins der beiden Module angerechnet werden.

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Wintersemester: Algorithmen in der Genomforschung

Sommersemester: Bioinformatische Anwendungen in der Genomforschung
jährlich

Algorithmische Stochastik in der Bioinformatik

Modultitel

- Algorithmische Stochastik in der Bioinformatik

Modultitel (Englisch)

- Algorithmic Stochastics in Bioinformatics

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Algorithmische Stochastik in der Bioinformatik (WS: 2V+2Ü)
- Fallstudien zu Algorithmischer Stochastik in der Bioinformatik (SS: 2S) oder Biostatistik (SS: 2S)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Ellen Baake](#)

Lehrinhalte

Viele komplexe Probleme der Bio- und allgemeiner der naturwissenschaftlichen Informatik (z.B. Alignment, Gene finding, Inferenz fuer Populationssequenzdaten) lassen sich nicht gleichzeitig effizient und optimal mit deterministischen Verfahren lösen; in diesem Fall nimmt man oft stochastische Methoden zur Hilfe. Aufbauend auf stochastischen Grundlagen aus der Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik legt dieses Modul die nötigen Grundlagen (Darstellung von Verteilungen im Computer; Rechnen mit sehr kleinen Wahrscheinlichkeiten; Effiziente Generierung von Zufallszahlen aus vorgegebenen Verteilungen; Testen der Qualität von Zufallszahlengeneratoren). Als ein wichtiges Hilfsmittel werden Markov Chain Monte Carlo Methoden (Metropolis-Hastings; Gibbs sampler) anhand von Anwendungsbeispielen vorgestellt, sowie Methoden des importance sampling und der Simulation seltener Ereignisse. Es werden alternativ zwei Seminare angeboten:

1. Algorithmische Stochastik: Hier werden Simulationsanwendungen aus der aktuellen Forschungsliteratur erarbeitet.
2. Biostatistik: Die Ausgaben stochastischer Simulationen, aber auch allgemein beliebige Datensätze, müssen statistisch untersucht werden um z.B. Parameterannahmen in den Modellen zu verifizieren oder weitergehende Aussagen über die Signifikanz der Ergebnisse machen zu können. Deswegen werden hier die notwendigen Grundlagen der Biostatistik gelegt (Konfidenzintervalle; statistische Test; multivariate Datenanalyse; lineare und nicht lineare Regression).

Kompetenzen

Der Schwerpunkt der Vorlesung liegt auf der Vermittlung von verschiedenen Methoden und Techniken als **Werkzeuge** für ein breites Spektrum von Problemen aus der Bioinformatik. Die Studierenden lernen, in Wahrscheinlichkeiten zu denken und mit Wahrscheinlichkeitsverteilungen und ihren numerischen Eigenschaften umzugehen. Als Vorbereitung auf die Bachelor-Arbeit wird insbesondere in den Übungen verlangt, besprochene Methoden auf neue Probleme zu übertragen. Die Übungen beinhalten deswegen auch Programmier- und Projektaufgaben, in denen die Verfahren aus der Vorlesung implementiert und angewendet werden. Im Seminar lernen die Studierenden die Umsetzung in aktuelle Forschungssituationen, bzw. die statistische Analyse beliebiger Datensätze.

Literatur:

James E. Gentle. Random Number Generation and Monte Carlo Methods. Springer 1998. Christian P. Robert und George Casella. Monte Carlo Statistical Methods. Springer 2002. Donald E. Knuth. The Art of Computer Programming vol. 2. Addison-Wesley 1998.
 Neil Madras, Lectures on Monte Carlo Methods, AMS 2002. James Bucklew, Introduction to Rare Event Simulation, Springer 2004.
 Lutz Dümbgen. Biometrie. Vieweg+Teubner 2010.
 Ludwig Fahrmeier. Regression. Springer 2009.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete oder unbenotete Einzelleistung (Vorlesung), eine unbenotete Einzelleistung (Seminar)

Prüfungsformen

- WS: Portfolio aus Übungsaufgaben, die veranstaltungsbezogen gestellt werden (Bestehensgrenze 50% der erzielbaren Punkte, individuelles Erläutern von Aufgaben) und Abschlussklausur (90-120 min) oder abschließende mündliche Prüfung (20-30 min). Die Übungsaufgaben im Rahmen des Portfolios werden in der Regel wöchentlich ausgegeben. Abschlussklausur oder abschließende mündliche Prüfung beziehen sich auf den Stoff der Vorlesung und der Übungen.
- SS: Vortrag und schriftliche Ausarbeitung (Fallstudien-Seminar) oder lösen von Übungsaufgaben und schriftliche Ausarbeitung (Biostatistik-Seminar)

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

WS: regelmäßige und aktive Teilnahme an den Übungen; Erbringen des o.g. Portfolios

SS: regelmäßige und aktive Teilnahme am Seminar; Seminarvortrag mit Ausarbeitung (Fallstudien-Seminar); schriftliche Ausarbeitung (Biostatistik-Seminar)

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Algorithmische Stochastik in der Bioinformatik
 gesamt: 210h = 7 LP = 210h

Fallstudien zu Algorithmischer Stochastik in
 der Bioinformatik oder Biostatistik = 90h
 gesamt: 90h = 3 LP

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Mathematik für Informatiker I und II,

Mathematische Methoden der Biowissenschaften I und II, Sequenzanalyse

Nützlich: Grundkenntnisse in numerischer Mathematik

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für den Bachelorstudiengang

- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik und Genomforschung)

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Bioinformatik und Genomforschung (Vertiefung Mathematik/Physik/Chemie)
- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Naturwissenschaften)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Beginn: Wintersemester, jährlich

Analyse Metabolischer Netzwerke

Modultitel

- Analyse Metabolischer Netzwerke

Modultitel (Englisch)

- Analysis of metabolic networks

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Modellierung und Simulation metabolischer Netzwerke (WS: 2V + 2 Ü)
- Simulation metabolischer Prozesse (SS: 4Pj) **oder**
- Analyse metabolischer Netzwerke (WS 2S)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Ralf Hofestädt](#)

Lehrinhalte

Fundamentale biochemische Mechanismen der Molekularen Biologie konnten in den vergangenen Jahren identifiziert und weitgehend analysiert werden. Die hier gewonnenen Erkenntnisse bezüglich der genetischen Information und gesteuerten metabolischen Prozesse werden auf der Grundlage von molekularen Datenbanken systematisch erfasst. Somit steht heute eine Vielzahl von Informationssystemen im Internet zur Verfügung, um die Analyse komplexer zellulärer Prozesse zu unterstützen. Die Analyse der metabolischen Prozesse auf der Basis der molekularen Erkenntnisse stellt heute einen wesentlichen Arbeitsbereich der Bioinformatik dar. Im Bereich der Molekularen Biologie steht dabei die Analyse der Genregulation, der gesteuerten biochemischen Reaktionen sowie deren Phänotypen im Brennpunkt der aktuellen Aktivitäten. Dabei ist durch Datenbankintegration und gezielte algorithmische Netzwerkanalyse sowie Modellierung und Simulation das Verständnis der metabolischen Netzwerke systematisch zu erarbeiten.

Literatur

- Eberhard Voit: Computational Analysis of Biochemical Systems, Cambridge University Press 2000
- Julio Collado-Vides und R. Hofestädt (Herausgeber): Gene Regulation and Metabolism, Post-Genomic Computational Approaches, Cambridge, MA: MIT Press, 2002

Kompetenzen

Die Studierenden sollen in der Lage sein die relevanten elektronischen Informationsquellen (z.B. KEGG, BRENDA, TRANSFAC) zu nutzen, Methoden der Integration molekularer Datenquellen anzuwenden und verfügbare Tools (z.B. SRS, Biodataserver) zu bedienen. Mittels verfügbarer Simulatoren (z.B. GEPASI, E-CELL, Petrinetz-Simulator) sollen exemplarische metabolische Netzwerke analysiert und simuliert werden.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

mündliche Prüfung oder Klausur (benotet)

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der mündlichen Prüfung oder Klausur über die Vorlesung und Übung ergibt 3 LP, aktive Teilnahme an den Übungen ergibt 4 LP und erfolgreiche Teilnahme am Projekt oder Seminar ergibt 3 LP.

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Vorlesung Modellierung und Simulation metabolischer Netzwerke		= 30h
Nachbereitung der Vorlesung:	2 SWS x 16 Wochen	= 15h
Übungen	1h/Woche x 16 Wochen	= 30h
Vorbereitung der Übungen:	2 SWS x 16 Wochen	= 45h
Vorbereitung auf die Modulprüfung:	2,5h/Woche x 16 Wochen	= 90h
gesamt: 210h = 7 LP		

Projekt:		
Besprechungen:	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Nachbereitung der Besprechungen:	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Entwurf Algorithmen:	1 SWS x 16 Wochen	= 15h
Implementierung:	2h/Woche x 16 Wochen	= 30h
gesamt: 90h = 3 LP		

oder

Seminar		
Vorbereitung des Vortrags	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Erstellung der Folien		= 20h
Ausarbeitung des Vortrags		= 10h
gesamt: 90h = 3 LP		= 30h

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Algorithmen und Datenstrukturen I und II
 Grundkenntnisse Genetik und Biochemie
 Grundkenntnisse Mathematik

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik)
- Intelligente Systeme (Vertiefung Intelligente Systeme)
- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik)
- Molekulare Biotechnologie (Spezialisierung Biologie/Bioinformatik/Genomforschung)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Wintersemester: Vorlesung und Übung
 Sommersemester: Projekt
 jährlich

Angewandte Bioinformatik

Modultitel

- Angewandte Bioinformatik

Modultitel (Englisch)

- Applied Bioinformatics

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Angewandte Bioinformatik (Vorlesung und Übungen)
- Bioinformatische Anwendungen in der Genomforschung (Praktikum)

Modulverantwortliche(r)

- [Dr. Alexander Goesmann, Bioinformatics Resource Facility \(CeBiTec\)](#)
- [Prof. Dr. Jens Stoye, AG Genominformatik](#)

Lehrinhalte

In diesem Modul werden praktische Anwendungen und Problemstellungen beim Einsatz bioinformatischer Techniken in der Genomforschung behandelt. Das Modul basiert auf den praktischen Erfahrungen der in Bielefeld durchgeführten Genom- und Postgenomprojekte. Die folgenden Bereiche sollen abgedeckt werden: Datenformate der Bioinformatik, Sequenzerstellung/Genomassemblierung, Genvorhersage (besonders Prokaryoten mit einem Seitenblick auf Eukaryoten), Genomannotation (hier besonders verfügbare Werkzeuge und Datenbanken), Speicherung und Analyse von Expressionsdaten, DNA-Microarrays und Massenspektren, komparative Genomanalyse.

Kompetenzen

In Ergänzung zu den theoretischen Kenntnissen sollen die Studierenden die praktische Anwendung der bioinformatischen Methoden der Genomforschung kennenlernen. Neben der Kenntnis der Softwarewerkzeuge und Datensammlungen und ihres jeweiligen Einsatzbereiches und der Fähigkeit entsprechende automatisierte Pipelines zu erstellen, soll auch die Qualitätsabschätzung der gewonnenen Ergebnisse behandelt werden. Im Praktikum werden Pipelines für beispielhafte Probleme aus realen Genomprojekten durch die Studierenden erstellt und gemeinsam bewertet.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

- benotete mündliche Prüfung über die Inhalte der Vorlesung
- selbständige Bearbeitung von Praktikumsaufgaben

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der mündlichen Prüfung ergibt 5 LP
Erfolgreiche Teilnahme am Praktikum ergibt 5 LP

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Angewandte Bioinformatik:

Vorlesung	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Nachbereitung der Vorlesung	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Übungen	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Vorbereitung der Übungen	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Vorbereitung auf die mündliche Prüfung		= 60h
gesamt: 150h = 5 LP		

Bioinformatische Anwendungen in der Genomforschung (Block, 4 Wochen x 4 Tage):

Praktikum	16Tage x 7h	= 110h
Vorbereitung des Praktikums	16Tage x 0,5h	= 10h
Nachbereitung des Praktikums	16Tage x 1,5h	= 30h
gesamt: 150h = 5 LP		

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

keine

Modultyp und Verwendbarkeit
Technische Fakultät:

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik und Genomforschung), 2. Semester
- Naturwissenschaftliche Informatik (WP Vertiefung Informatik), 2. Semester
- Molekulare Biotechnologie (Spezialisierung Biologie/Bioinformatik/Genomforschung), 2. Semester

Fakultät für Biologie:

Pflichtmodul im Masterstudiengang

- Genombasierte Systembiologie, 2. Semester

Das Praktikum \blacklozenge Bioinformatische Anwendungen in der Genomforschung \blacklozenge ist auch Bestandteil des Moduls \blacklozenge Algorithmen in der Genomforschung \blacklozenge . Aus diesem Grund kann nur eins der beiden Module angerechnet werden.

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Sommersemester: Angewandte Bioinformatik

Sommersemester: Bioinformatische Anwendungen in der Genomforschung

jährlich

Informationssysteme in der molekularen Bioinformatik

Modultitel

- Informationssysteme in der molekularen Bioinformatik

Modultitel (Englisch)

- Information systems for molecular Bioinformatics

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Webbasierte Informationssysteme (2V + 2Ü)
- Programmierpraktikum (4Pr)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Ralf Hofestädt](#)

Lehrinhalte

Ergebnisse sowie experimentelle Daten der molekularen Biologie werden im Internet durch spezifische Informationsquellen dem Nutzer verfügbar gemacht. Neben den reinen Datenquellen sind auch spezifische Analysetools verfügbar. Somit basiert das Lösen komplexer Probleme im Bereich der Bioinformatik zunehmend auf web-basierten integrativen Lösungen.

Literatur:

- Cynthia Gibas und Per Jambeck: Bioinformatics Computer Skills. OReilly 2001
- Akmal Chaudhri et al.: XML Data Management. Addison-Wesley 2003

Kompetenzen

Mit der Zunahme elektronischer Datenquellen im Fachbereich Bioinformatik sind wachsende Anforderungen an das Datenmanagement verbunden. In diesem Teil der Lehrveranstaltung werden Fähigkeiten zur eigenständigen Analyse molekularer Internetdatenbanken und Informationssysteme, der Akquise und Integration anwendungsbezogener Daten, sowie der Modellierung eigener Lösungen zur Datenspeicherung, -integration und -repräsentation vermittelt.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

mündliche Prüfung oder Klausur, Programmieraufgabe

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Aktive Teilnahme an der Vorlesung (Übungsaufgaben) ergibt 4 LP, Bestehen der mündlichen Prüfung oder Klausur über die Vorlesung und Übung ergibt 3 LP, Bestehen des Projekts/Praktikums 3 LP.

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Vorlesung Webbasierte Informationssys.	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Nachbereitung der Vorlesung:	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Übungen	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Vorbereitung der Übungen:	2,5h/Woche x 16 Wochen	= 45h
gesamt: 120h = 4 LP		
Vorbereitung auf die Modulprüfung		= 90h
gesamt: 210h = 3 LP		
Projekt/Praktikum:		
Besprechungen:	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Nachbereitung der Besprechungen:	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Entwurf Algorithmen:	1 SWS x 16 Wochen	= 15h
Implementierung:	2h/Woche x 16 Wochen	= 30h
gesamt: 90h = 3 LP		

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Algorithmen und Datenstrukturen
Grundkenntnisse Mathematik

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik)
- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik)
- Molekulare Biotechnologie (Spezialisierung Biologie/Bioinformatik/Genomforschung)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Sommersemester: Vorlesung und Übung,
Sommersemester: Projekt
jährlich

Mathematisch-Naturwissenschaftliche Vertiefung

Modultitel

- Mathematisch-Naturwissenschaftliche Vertiefung

Modultitel (Englisch)

- Advanced Topics in Mathematics and Natural Sciences

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Mathematische Methoden der Biowissenschaften III (2V + 2Ü)
- Mathematische Biologie (2V, 1 Ergänzungs-V, 1Ü)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Ellen Baake](#)

Lehrinhalte

Dieses Modul ist den mathematischen und naturwissenschaftlichen Grundlagen für das vertiefte Studium der Bioinformatik und Genomforschung gewidmet. Im Teilmodul **Mathematische Methoden der Biowissenschaften III** werden ausgewählte Kapitel der Fourieranalyse (insbesondere Fourier-Reihen und Fourier-Transformation) und der Stochastik (insbesondere stochastische Prozesse: Poisson-Prozesse, Markov-Ketten in stetiger Zeit) vermittelt. Dabei orientiert sich die Stoffauswahl an konkreten Anwendungen in Genomforschung und Bioinformatik.

Darauf aufbauend werden im Teilmodul **Mathematische Biologie** grundlegende mathematische Modelle der Biologie behandelt. Einige Themen fallen in den Kernbereich der Genomforschung (wie das Luria-Delbrück-Experiment, der Koaleszenzprozess und das differential-geometrische Bändermodell der DNA), andere schlagen die Brücke zur Biophysik (das Hodgkin-Huxley-Modell für das Aktionspotential) und Biochemie (kinetische Modelle für (bio)chemische Reaktionen). Die verwendeten mathematischen Methoden sind Stochastik, Differentialgleichungen, diskrete Mathematik und Geometrie. In der Ergänzungs-Vorlesungsstunde werden diese Methoden zugeschnitten auf das jeweilige Thema wiederholt und ergänzt.

Kompetenzen

Die Studierenden sollen die genannten mathematischen Konzepte verstehen und anwenden lernen, sowie eine repräsentative Auswahl mathematischer Modelle für biologische, biochemische und biophysikalische Prozesse kennen lernen. Darüberhinaus liegt besonderes Augenmerk auf dem Modellierungsaspekt, also der Umsetzung des realen Prozesses in eine geeignete Idealisierung und mathematische Formulierung.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

zwei benotete Einzelleistungen

Prüfungsformen

jeweils Portfolio aus Übungsaufgaben, die veranstaltungsbezogen gestellt werden (Bestehensgrenze 50% der erzielbaren Punkte, individuelles Erläutern von Aufgaben) und Abschlussklausur (90-120 min) oder mündliche Abschlussprüfung (20-30 min.). Die Übungsaufgaben im Rahmen des Portfolios werden in der Regel wöchentlich ausgegeben.

Abschlussklausur oder abschließende mündliche Prüfung beziehen sich auf den Stoff der Vorlesung und der Übungen.

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Regelmässige und aktive Teilnahme an den Übungen
Erbringen des o.g. Portfolios

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Mathematische Methoden der Biowissenschaften III: = 150h = 5 LP
Mathematische Biologie: = 150h = 5 LP

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Mathematik I und II, Mathematische Methoden der Biowissenschaften I und II

Modultyp und Verwendbarkeit

Pflichtmodul im Masterstudiengang

- Bioinformatik und Genomforschung

Wahlpflichtmodul im Masterstudiengang

- Naturwissenschaftliche Informatik (Grundlagen Ergänzung oder Vertiefung Naturwissenschaften)

Ohne die Ergänzungs-VL ist \blacklozenge Mathematische Biologie I \blacklozenge auch als Modul im Bereich \blacklozenge Profilierung \blacklozenge bzw. \blacklozenge Spezialisierung \blacklozenge im Bachelor Mathematik zu verwenden.

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Mathematische Methoden der Biowissenschaften III: jährlich, WS
Mathematische Biologie: jährlich, SS

Medizinische Wissensverarbeitung

Modultitel

- Medizinische Wissensverarbeitung

Modultitel (Englisch)

- Medical knowledge processing

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Medizinische Wissensverarbeitung (SS: 2V + 2Ü)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Ralf Hofestädt](#)

Lehrinhalte

Ausgehend von der Theorie des diagnostischen und therapeutischen Prozesses werden Methoden zur Verarbeitung von unsicherem Wissen vorgestellt. Dabei wird auf die Methode des Fallbasierten Schliessens sowie der Bayes'schen Netzwerke verstärkt eingegangen. Am Beispiel der Erkennung von Stoffwechseldefekten werden beide Methoden verstärkt diskutiert, indem auf der Grundlage der vorhandenen Datenbanken auch existierende Expertensysteme betrachtet werden.

Literatur

- Lusti, M.: Wissensbasierte Systeme. BI Wissenschaftsverlag 1990
- Schnabel, M.: Expertensysteme in der Medizin. Gustav Fischer Verlag 1996

Kompetenzen

Die Studierenden sollen in der Lage sein das medizinische Problemfeld der Diagnose und Therapie adäquat einschätzen zu können. Das Verarbeiten des unsicheren Wissens im Bereich der Medizin wird derzeit mit der Methode des Fallbasierten Schliessens sowie der Anwendung der Bayes'schen Netze vorangetrieben. Beide Ansätze werden exemplarisch diskutiert und im Rahmen der Erkennung von Stoffwechseldefekten praktisch zum Einsatz kommen.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete Einzelleistung

Prüfungsformen

mündliche Prüfung oder Klausur

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der mündlichen Prüfung oder Klausur über die Vorlesung und Übung ergibt 5 LP

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Vorlesung Medizinische Wissensverarb.	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Nachbereitung der Vorlesung:	2h/Woche x 16 Wochen	= 30h

Übungen		
Vorbereitung der Übungen:	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Vorbereitung der Prüfung	3,5h/Woche x 16 Wochen	= 60h
gesamt: 150h = 5 LP		= 30h

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Algorithmen und Datenstrukturen bzw. Einführung in die Informatik für MBT, Grundkenntnisse Mathematik

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik)
- Bioinformatik und Genomforschung (Individueller Ergänzungsbereich)
- Molekulare Biotechnologie (Spezialisierung Biologie/Bioinformatik/Genomforschung)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Sommersemester: Vorlesung und Übung
jährlich

Parallele Datenverarbeitung

Modultitel

- Parallele Datenverarbeitung

Modultitel (Englisch)

- Parallel data processing

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Parallele Algorithmen und Datenverarbeitung (WS: 2V + 2Ü),
- Projekt (WS 4Pj) **oder** Seminar (2S)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Ralf Hofestädt](#)

Lehrinhalte

Ausgangspunkt sind die wichtigsten theoretischen Modelle der parallelen Datenverarbeitung (PRAM, Uniforme Schaltkreise, Vektormaschinen und Zellulare Automaten). Auf der Grundlage dieser Modelle wird der Speedup der Parallelisierung diskutiert. Die wichtigsten Architekturkonzepte und Verbindungstopologien der Parallelen Rechner werden angesprochen. Neben der automatischen Parallelisierung (Super-Compiler) werden grundlegende Sprachkonstrukte paralleler Programmiersprachen diskutiert. Heuristiken zur effizienten algorithmischen Lösung der NP-vollständigen Systemroutinen (Routing und Load Balancing) werden vorgestellt.

Literatur

- Cosnard M. und Trystram D.: Parallel Algorithms and Architecture. Thomsen 1995
- Richter H.: Verbindungsnetzwerke für parallele und Verteilte Systeme. Spektrum Verlag 1997

Kompetenzen

Neben den theoretischen Grundlagen werden die gängigen Grundkonzepte aktueller Architekturen und Strategien präsentiert. In den Übungen und im Praktika steht die praktische Arbeit im Rahmen eines 64 BEO-Wulf Cluster im Zentrum. Die Studenten sollen in die Lage versetzt werden parallele Algorithmen zu entwerfen und zu implementieren.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

mündliche Prüfung oder Klausur (benotet), Vortrag oder Implementierung (unbenotet)

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der mündlichen Prüfung oder Klausur über die Vorlesung und Übung, erfolgreiche Teilnahme am Projekt oder Seminar

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Vorlesung Parallel Algorithmen und Datenverarbeitung

Nachbereitung der Vorlesung:	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Übungen	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Vorbereitung der Übungen:	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
gesamt: 120h = 4 LP	2,5h/Woche x 16 Wochen	= 45h

Vorbereitung auf die Modulprüfung:		= 90h
gesamt: 90h = 3 LP		

Projekt:

Besprechungen:	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Nachbereitung der Besprechungen:	1h/Woche x 16 Wochen	= 15h
Entwurf Algorithmen:	1 SWS x 16 Wochen	= 15h
Implementierung:	2h/Woche x 16 Wochen	= 30h
gesamt: 90h = 3 LP		

oder Seminar:

Vorbereitung des Vortrags		= 30h
Erstellung der Folien	2 SWS x 16 Wochen	= 20h
Ausarbeitung des Vortrags		= 10h
gesamt: 90h = 3 LP		= 30h

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Algorithmen und Datenstrukturen
Grundkenntnisse Mathematik

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik)
- Intelligente Systeme (Vertiefung Intelligente Systeme)
- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Wintersemester: Vorlesung und Übung
Wintersemester: Projekt oder Seminar
jährlich

Vertiefung Sequenzanalyse

Modultitel

- Vertiefung Sequenzanalyse

Modultitel (Englisch)

- Advanced Topics in Sequence Analysis

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Advanced Dynamic Programming (Vorlesung und Übungen)
- RNA Strukturvorhersage und -vergleich (Vorlesung)
- Erkennung regulativer Motive (Übungen)

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Robert Giegerich](#), AG Praktische Informatik

Lehrinhalte

In diesem Modul werden fortgeschrittene Techniken der Sequenzanalyse behandelt. Schwerpunkt auf der methodischen Seite ist die Algebraische Dynamische Programmierung, deren Einsatzbereich sehr weite Gebiete der Sequenzanalyse umfasst. Schwerpunkt der Anwendungen sind Algorithmen und Werkzeuge zur Untersuchung von RNA und ihren Funktionen, insbesondere in der Regulation.

Kompetenzen

Die Studierenden sollen aktuell eingesetzte Algorithmen und Werkzeuge kennenlernen und in die Lage versetzt werden, selbst zur Weiterentwicklung des aktuellen Standes der Forschung beizutragen. Im Praktikum ist entweder eine biologisch motivierte Anwendungsstudie unter Einsatz aktueller Werkzeuge vorgesehen, oder die (Weiter-)Entwicklung eines solchen Werkzeugs.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

eine benotete Klausur (RNA Strukturvorhersage und -vergleich)

eine unbenotete Klausur (Advanced Dynamic Programming)

Teilnahme an den Übungen

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der Klausuren, aktive Teilnahme an den Übungen

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Advanced Dynamic Programming:		= 32h
Vorlesung	2 SWS x 16 Wochen	= 48h
Nachbereitung der Vorlesung	3h/Woche x 16 Wochen	= 32h
Übungen	2 SWS x 16 Wochen	= 32h
Vorbereitung der Übungen	2h/Woche x 16 Wochen	= 15h

Vorbereitung der Klausur

gesamt: 159h = 5 LP

RNA Strukturvorhersage und

-vergleich:

Vorlesung	2 SWS x 16 Wochen	= 32h
-----------	-------------------	-------

Nachbereitung der Vorlesung	3h/Woche x 16 Wochen	= 48h
-----------------------------	----------------------	-------

Vorbereitung der Klausur		= 15h
--------------------------	--	-------

gesamt: 95h = 3 LP

Erkennung regulativer Motive:

Übungen	2 SWS x 16 Wochen	= 32h
---------	-------------------	-------

Bearbeitung der Übungsaufgaben	1,5 x 16h	= 24h
--------------------------------	-----------	-------

gesamt: 56h = 2 LP

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Modul Sequenzanalyse

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik)
- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Wintersemester: Advanced Dynamic Programming

Sommersemester: RNA Strukturvorhersage und -vergleich, Erkennung regulativer Motive

jährlich

Visualisierungsansätze für Biodaten (BioVITAL)

Modultitel

- Visualisierungsansätze für Biodaten

Modultitel (Englisch)

- Visualization approaches for Biodata

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Visualisierungsansätze für Biodaten (Seminar, 2 SWS)

Modulverantwortliche(r)

- [Dr. Tim W. Nattkemper](#)

Lehrinhalte

Dieses Modul hat zwei Ziele: zunächst soll einen Überblick über bestehende und etablierte Visualisierungsansätze für Biodaten in Form von Vorträgen der Teilnehmer vermittelt. Anschließend, wird eine kleine Anzahl von aktuellen Biodatensätzen vorgestellt, für die neue Visualisierungsansätze in Kleingruppen entwickelt werden.

Kompetenzen

Ziel ist die Vermittlung eines Einblicks in die Hintergründe und Funktionen der **◆wichtigsten◆** Visualisierungswerkzeuge der Bioinformatik. Des Weiteren sollen auch technische Skills im Umgang mit verschiedenen Visualisierungs-/Grafikbibliotheken vermittelt werden.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

mündlicher Vortrag, technisches Konzeptpapier und Programmieraufgabe

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen des Vortrags inkl. Konzeptpapier und Programmieraufgabe ergibt 5 LP

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Seminar	2 SWS x 16 Wochen	= 30h
Nachbereitung des Seminars	2h/Woche x 16 Wochen	= 30h
Vorbereitung des eigenen Vortrags	10h x 2 Wochen	= 20h
Programmierung/Entwicklung	5h/Woche x 14 Wochen	= 70h
gesamt: 150h		= 5 LP

Leistungspunkte für das Modul: 5 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Die Teilnehmer sollten Programmierkenntnisse/-erfahrung besitzen. Teilnahme der Vorlesungen Information Visualization oder Computer Grafik sind hilfreich aber nicht notwendig.

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

- Bioinformatik und Genomforschung (WP Bioinformatik)
- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik)
- Molekulare Biotechnologie (Spezialisierung Biologie/Biochemie/Bioinformatik/Genomforschung)
- Interdisziplinäre Medienwissenschaften

Das Modul eignet sich ausserdem für Promotionsstudenten der Informatik, Biologie und Molekularen Biotechnologie

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Wintersemester, jährlich

Informatische Methoden fuer die Datenanalyse

Modultitel

Informatische Methoden für die Datenanalyse in der Metagenomik und -transkriptomik

Modultitel (Englisch)

Computational methods for the analysis of metagenomics and -transcriptomics data

Lehrveranstaltungen des Moduls

Seminar: Neue Trends in der Omics-Datenanalyse (SS, 3LP)

Projekt: Entwicklung von neuen Werkzeugen zur Analyse von großen Datensätzen aus der Metagenomik/-transkriptomik (SS, 7 LP)

Modulverantwortliche(r)

apl. Prof. Dr.-Ing. Tim W. Nattkemper


Lehrinhalte

Durch die Einführung der so genannten ultrafast sequencing Technologien (Roche/454, Illumina/Solexa, ABI/Solid u.a.) ist in den Lebenswissenschaften ein starker Bedarf nach neuen algorithmischen Lösungsansätzen für deren Verarbeitung und Analyse entstanden. Ziel dieses Moduls ist die Entwicklung von neuen Analysetools, welche der neuen Dimensionierung der Datensätze aus der Metagenomik oder Metatranskriptomik Rechnung tragen. Dabei sollen mehrere Ansätze in Kleingruppen von 2-3 Studierenden realisiert und untersucht werden:

- Erhöhung des Datendurchsatzes durch Berechnungen auf der GPU
- Neue dynamische Visualisierungskonzepte für Klassifikationsergebnisse
- Explorationswerkzeuge zur Analyse von Assemblierungsergebnissen
- Visualisierungswerkzeuge zur komparativen Analyse von Datensätzen

Literatur: Im Rahmen des Seminars wird wissenschaftlich-technischer Hintergrund über Artikel / Publikationen / Vorträge vermittelt.

Kompetenzen

Die Studierenden werden an hochaktuelle Fragestellungen in der Bioinformatik herangeführt und erwerben tieferes Wissen über die aktuellen Trends in der Sequenzierertechnologie im Bezug auf die sich daraus ergebenden Fragestellungen an die Bioinformatik. Darüber hinaus erwerben die Teilnehmer vertiefendes Wissen über einzelne Methoden der Datenanalytik (z.B. Visualisierung, Clustering, Data Mining, GPU Computing, High Performance Computing, ). Desweiteren gewinnen die Studierenden einen umfassenden und anwendungsnahen Erfahrungsschatz durch das Projekt, in dem zusammen mit Mitarbeitern der BRF anwendungs- und benutzerorientierte neue Tools entwickelt werden.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete (Vortrag im Seminar) und eine unbenotete (Implementierung) Einzelleistung

Prüfungsformen

Seminar: mündlicher Vortrag (45-60 min., benotet)

Projekt: Implementierung (unbenotet)

Für den erfolgreichen Abschluss des Moduls sind beide Leistungen zu erbringen/Prüfungen zu bestehen.

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

erfolgreiche Teilnahme am Projekt und Seminar (s.o.)

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Lehrveranstaltung

Art	Turnus	Workload	LP
Neue Trends in der Omics-Datenanalyse	Seminar SS	30+60	3
Entwicklung von neuen Werkzeugen zur Analyse von großen Datensätzen aus der Metagenomik/-transkriptomik	Projekt SS	30+150*)	7

*)Besprechungen: 2 SWS x 16 Wochen = 30h

Vor-/Nachbereitung der Besprechung: 2h x 16 Wochen = 30h

Entwurf Algorithmen: 30h

Projektmanagement/Dokumentation: 20h

Implementierung: 80h

Evaluation/Test: 20h

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Algorithmen und Datenstrukturen (empfohlen)

Grundkenntnisse Mathematik (empfohlen)

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für die Masterstudiengänge

Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik)

Bioinformatik und Genomforschung (Projekt Bioinformatik)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Sommersemester, jährlich

Interdisziplinäre ZellVisualisierung

Modultitel

Interdisziplinäre ZellVisualisierung

Modultitel (Englisch)

Interdisciplinary Cell Visualization

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Vorlesung Interdisziplinäre Zellvisualisierung (V, 2 SWS)
- Seminar Cell Visualization (S, 2 SWS)
- Projekt CELLmicrocosmos Cell Modelling (Pr, 4 SWS)

Modulverantwortliche(r)

Björn Sommer
Prof. Dr. Ralf Hofestädt

Lehrinhalte

Die Komplexität der biologischen Zelle macht sie zu einem adäquaten Paradigma für den visuellen Information Overload des Informationszeitalters. Die strukturellen, biologischen, chemischen und physikalischen Aspekte der Zelle übersteigen bereits jetzt den Horizont nicht nur eines jeden Laien sondern auch eines jeden Wissenschaftlers. Und das, obwohl es sich bei der Zelle um den kleinsten Baustein des Lebens handelt. Ohne eine gleichzeitig interdisziplinäre und reduzierende Herangehensweise ist die Bewältigung dieses Themas nicht möglich. Das heutige Überangebot und die Dominanz der zwei-dimensionalen Visualisierungsansätze steht im Kontrast zur drei-dimensionalen Realität der Zelle. Insbesondere die Kommerzialisierung der 3D-Stereoskopie bietet weitreichende Chancen, zukünftig multidimensionale und multimediale Konstrukte nicht nur visualisierbar sondern auch erfahrbar zu machen.

Dieses Modul beschäftigt sich nun mit der Frage, wie die Komplexität zellulärer Prozesse reduziert und dabei gleichzeitig die drei-dimensionale Räumlichkeit adäquat beibehalten werden kann. In der Vorlesung werden die unterschiedlichsten Visualisierungsansätze besprochen und analysiert. Gleichzeitig wird Basiswissen im Bereich der Zellbiologie vermittelt werden. Das Spektrum reicht von Filmsequenzen über Buch-Illustrationen, Webseiten, Datenbanken, Computerspielen und -programmen. In Relation dazu werden zelluläre Simulationsansätze, wissenschaftliche Publikationen und die durch die Mikroskopie generierte Realität gesetzt.

Die Vorlesung wird von einem Seminar begleitet, welches sich in diesem Spannungsfeld bewegen wird und gleichzeitig den Bezug zur Praxis herstellen wird. Das CELLmicrocosmos-Projekt ist im Bereich Zell- und Membran-Visualisierung angesiedelt und kann wahlweise Aufgaben aus der Programmierpraxis, der dreidimensionalen Modellierung oder Animation beinhalten.

Kompetenzen

Im Rahmen dieses Moduls können Teilnehmer erarbeiten, wie Zusammenhänge auf verschiedenen Komplexitätsebenen am Beispiel der Zellbiologie visuell reduziert und präzisiert werden können. Die Vorlesung wird Kompetenzen im Bereich der interdisziplinären Medienanalyse vermitteln. Während des praktischen Projektes können Kenntnisse im Bereich der dreidimensionalen Modellierung und Animation, Java/Java3D-Programmierung, 3D-Stereoskopie und/oder HTML-Kenntnisse vertieft werden. Auf Grund des interdisziplinären Charakters ist zellbiologisches Vorwissen sowie Programmierpraxis keine

Teilnahme-Voraussetzung.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete Einzelleistung: Klausur oder mündliche Prüfung zur Vorlesung
 zwei unbenotete Einzelleistungen: Seminarreferat und Absolvierung des Projektes.

Prüfungsformen

Die Modulnote wird über eine Klausur oder die mündliche Prüfung ermittelt. Voraussetzungen der Prüfung ist die erfolgreiche Teilnahme an der Vorlesung und dem Projektseminar.

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Regelmäßige und aktive Teilnahme an allen Veranstaltungen, Bearbeiten der Übungsaufgaben, bestehen der Hausaufgabe und der Projektarbeit.

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Titel	Art	Turnus	Workload	LP
Cell Visualization		Seminar	SS	30+30 2
Interdisziplinäre ZellVisualisierung		Vorlesung	SS	30+60 3
CELLmicrocosmos Cell Modelling		Projekt	WS+SS	30+120 5

Studienleistungen

Veranstaltung	Workload	LP
Cell Visualization (Seminar)Referat (25 min.) mit Ausarbeitung (5 Seiten)	s.o.	s.o.
CELLmicrocosmos Cell Modelling (Projekt) Projektarbeit (Programmierung oder Modellierung) mit anschließender Präsentation (ca. 15 min.)	s.o.	s.o.

Modulprüfung

Zuordnung

Art	Gewicht	Workload	LP
Interdisziplinäre ZellVisualisierung (Vorlesung)	Klausur oder mdl. Prüfung	1	- -

Die Klausur (60-90 min.) oder die mündliche Prüfung (15-25 in.) bezieht sich auf den Stoff der Vorlesung.

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

Mathematische und physikalische Grundkenntnisse werden empfohlen.

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul für Masterstudiengänge

- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Informatik; Wahlpflicht)
- Bioinformatik und Genomforschung (Individuelle Ergänzung; Wahlpflicht)
- Molekulare Biotechnologie (Spezialisierung Biologie/Bioinformatik/Genomforschung; Wahlpflicht)
- Medienwissenschaften (Hauptmodul 4)

Wahlpflichtmodul für Bachelorstudiengänge

- Medieninformatik und Gestaltung (Medieninformatik; Wahlpflicht)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Sommersemester: Vorlesung und Seminar, optional Projekt Wintersemester: Projekt jährlich

Bakterielle Genomforschung

Modultitel

- Bakterielle Genomforschung

Modultitel (Englisch)

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Genome Research (WS: 2V): 3 LP = 90h Arbeitsaufwand
- Gene und Genome (SS: 2V): 3 LP = 90h Arbeitsaufwand
- Praktikum Genomforschung (WS: 2Pr): 2 LP = 60h Arbeitsaufwand
- Praktikum Bioinformatik (SS: 2Pr): 2 LP = 60h Arbeitsaufwand

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Alfred Pühler](#)

Lehrinhalte

In diesem Modul werden die theoretischen und praktischen Grundlagen der Genomforschung vertieft, wobei die bakterielle Genomforschung im Vordergrund steht. Aufbauend auf dem Modul Genomforschung I des Bachelorstudiengangs Bioinformatik und Genomforschung, in dem die Grundlagen der Genomsequenzierung und -Annotation vermittelt wurden, werden die Methoden der Genomannotation weiter vertieft. Hierbei werden insbesondere Schwerpunkte auf die Identifizierung regulatorischer Sequenzen und auf Genomvergleiche gelegt. Des Weiteren werden theoretische und praktische Kenntnisse der Postgenomforschung Transkriptomik, Proteomik und Metabolomik erarbeitet. Dabei werden auch die in den Biowissenschaften angewandten analytischen Methoden behandelt. Die Anwendung und das Verständnis verfügbarer Programme und Werkzeuge zur Datenauswertung und zur komparativen Genomik bilden einen weiteren Schwerpunkt des Moduls.

Literatur:

Bioanalytik, Friedrich Lottspeich, Haralabos Zorbas, Spektrum Akademischer Verlag.

Genomes 2, Terence A. Brown, BIOS Scientific Publishers.

Genome Mapping and Sequencing, Ian Dunham (ed.), Horizon Scientific Press, 15.07.2003.

Microbial Genomes, Claire M. Fraser, Timothy Ready, Karen E. Nelson, Humana Pr, 01.09.2003.

Kompetenzen

Die Studierenden sollen ein Verständnis für die in der bakteriellen Genomforschung angewandten Strategien erlangen. Neben theoretischen Kenntnissen sollen vor allem auch praktische Kenntnisse in aktuellen Methoden der Genomforschung vermittelt werden. Praktische Kenntnisse sollen sowohl im Labor bei der Erzeugung von Daten als auch bei der computer-gestützten Auswertung erlernt werden.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und zwei unbenotete Einzelleistungen

Prüfungsformen

benotete schriftliche Prüfung über Inhalte der Vorlesungen, unbenotete Praktikumsberichte, Seminarvorträge

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der Klausur und Vorlage von Praktikumberichten, Vortrag im Seminar

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Genome Research (WS: 2V): 3 LP	= 90h Arbeitsaufwand
Gene und Genome (SS: 2V): 3 LP	= 90h Arbeitsaufwand
Praktikum Genomforschung (WS: 2Pr): 2 LP	= 60h Arbeitsaufwand
Praktikum Bioinformatik (SS: 2Pr): 2 LP	= 60h Arbeitsaufwand

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

keine

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul in den Masterstudiengängen

- Bioinformatik und Genomforschung (WP Genomforschung)
- Naturwissenschaftliche Informatik (Vertiefung Naturwissenschaften)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Beginn: Wintersemester, Turnus: jährlich

Biochemische Analytik in der funktionellen Genomforschung

Modultitel

- Biochemische Analytik in der funktionellen Genomforschung

Modultitel (Englisch)

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Vorlesung (SS: 2V): 3 LP = 90h Arbeitsaufwand
- Seminar (SS: 2S): 3 LP = 90h Arbeitsaufwand
- experimentelle Übungen (SS: 6Pr): 4 LP = 120h Arbeitsaufwand

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Karl-Josef Dietz](#)

Lehrinhalte

Genetische Störungen beeinflussen fallweise die organismische Entwicklung und den Zellmetabolismus. Die Aufdeckung und Analyse dieser Effekte ist Teil der **reversen Genetik** und essentieller Bestandteil funktioneller Genomforschung. Andererseits aktivieren metabolische Defekte ihrerseits häufig kompensatorische Mechanismen, die sich über Modulation der Genexpression, regulatorische Umsteuerung von Enzymen und Stimulation alternativer Stoffwechselwege manifestieren. Redundanz und Spezifität von Genprodukten lassen sich nicht einfach anhand von genomischen Analysen vorhersagen, vielmehr müssen solche Annahmen experimentell geprüft werden.

Kompetenzen

Der Modul vermittelt die notwendigen theoretischen Kenntnisse und beispielhaft die experimentellen Fertigkeiten, um biochemische Aspekte der funktionellen Genomforschung zu adressieren. Die Methoden der Erfassung und Beschreibung der zellulären und v.a. metabolischen Dynamik werden anhand von pflanzlicher Mutanten vorgestellt. Das experimentelle Methodenspektrum wird ausgehend von einfachen (Spektralphotometrie) zu komplexeren analytischen Verfahren (HPLC-MS) inklusive der Probenaufarbeitung führen. Die Dateninterpretation wird im molekulargenetischen Kontext beispielsweise unter Einsatz selektiver cDNA-Arrays erfolgen.

Literatur:

Buchanan B, Gruissem W, Jones RL (2000) Biochemistry and Molecular Biology of Plants. ASPB, Rockville (Maryland, USA).

Lottspeich F, Zorbas H (1998) Bioanalytik. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg.

Heldt HW (2003) Pflanzenbiochemie. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und eine unbenotete Einzelleistung

Prüfungsformen

benotete mündliche Prüfung zu den Inhalten der Vorlesung und des Seminars

unbenotete Protokolle der Experimente und ihrer Ergebnisse

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Bestehen der mündlichen Prüfung und Erstellen der Protokolle

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Vorlesung (SS: 2V): 3 LP = 90h Arbeitsaufwand

Seminar (SS: 2S): 3 LP = 90h Arbeitsaufwand

experimentelle Übungen (SS: 6Pr): 4 LP = 120h Arbeitsaufwand

Leistungspunkte für das Modul: 10 LP

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

keine

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul im Masterstudiengang

- Bioinformatik und Genomforschung (WP Genomforschung)

Weitere Bezüge zu: Eukaryotische Genomforschung, Analyse metabolischer Netzwerke

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Beginn: Sommersemester

Turnus: jährlich

Eukaryotische Genomforschung

Modultitel

- Eukaryotische Genomforschung

Modultitel (Englisch)

Lehrveranstaltungen des Moduls

- Genomforschung bei Eukaryoten (SS: 2V + 2S), 6 LP = 180h Arbeitsaufwand
- Systematische Suche nach Genfunktionen (SS: 6 Ü), 4 LP = 120h Arbeitsaufwand

Modulverantwortliche(r)

- [Prof. Dr. Bernd Weisshaar](#)

Lehrinhalte

In diesem Modul werden die Grundlagen der experimentellen Analyse von Genomen bei Eukaryoten behandelt. Ein Schwerpunkt liegt bei pflanzlichen Modellsystemen, aber auch Hefe, tierische Modellsysteme sowie Daten aus der Analyse des menschlichen Genoms werden besprochen. Insbesondere die experimentelle Überprüfung von theoretischen Vorhersagen wird behandelt.

Literatur:

S.B. Primrose and R.M. Twyman: Principles of Genome Analysis and Genomics (Third Edition, 2003). Blackwell Publishing
C. A. Cullis: Plant Genomics and Proteomics (2004). Wiley-Liss

Kompetenzen

Die Studierenden sollen aktuelle experimentelle Methoden der Genomforschung bei Eukaryoten kennenlernen. Die Komplexität eukaryotischer Genome soll erfasst und eingeordnet werden. Unterschiede der Organisation verschiedener Genome sollen verstanden, und Bezüge zur Biologie der jeweiligen Organismen aufgebaut werden.

Anzahl Einzelleistungen (benotet und unbenotet)

eine benotete und zwei unbenotete Einzelleistungen

Prüfungsformen

benotete mündliche Prüfung/Klausur über Inhalte der Vorlesung
unbenotete Praktikumsberichte, Seminarvortrag

Voraussetzungen für die Vergabe von Leistungspunkten

Arbeitsaufwand und Leistungspunkte

Genomforschung bei Eukaryoten (SS: 2V + 2S), 6 LP = 180h Arbeitsaufwand
Systematische Suche nach Genfunktionen (SS: 6 Ü), 4 LP = 120h Arbeitsaufwand

Teilnahmevoraussetzungen und Vorkenntnisse

keine

nützlich: Grundlagen Genetik und Genomforschung

Weitere Bezüge zu: Algorithmen der Genomforschung, Bakterielle Genomforschung, Biochemische Analytik in der funktionellen Genomforschung

Modultyp und Verwendbarkeit

Wahlpflichtmodul im Masterstudiengang

- Bioinformatik und Genomforschung (WP Genomforschung)

Dauer des Moduls / Angebotsturnus

Beginn: Sommersemester

Turnus: jährlich



© 28.07.2011 » [Bielefeld School of Education](#) » [Arbeitsbereich "Studieninformation"](#)