Modulhandbuch
Master Bioinformatik

Fassung vom 09.02.2023

Änderungsprotokoll:

Der Fachbereichsrat des Fachbereichs Informatik und Mathematik und der Fachbereichsrat des Fachbereichs Biowissenschaften haben beide die folgenden Änderungen des Modulhandbuchs der Johann Wolfgang Goethe-Universität Frankfurt für den Masterstudiengang Bioinformatik beschlossen.

Am 14. Juni 2021 der Fachbereichsrat Informatik und Mathematik und am 4. Juni 2021 der Fachbereichsrat Biowissenschaften:

1. Modul 5 (Schlüsselqualifikationen, M-BioInf-Pflicht-SQU) wird um folgende Veranstaltungen aus dem aktuellen Studiengang M.Sc. Informatik erweitert:

Kürzel	Veranstaltungstitel	Form	SWS	CP Kontakt-studium	CP Selbst-studium	CP
EITP	Einführung in das IT-Projektmanage-ment, Veranstaltung des M.Sc. Informatik im Modul M-ERG-	V+Ü	1V, 1Ü			3
PITP	Prinzipien des IT-Projektmanagements, Veranstaltung des M.Sc. Informatik im Modul M-ERG	V	1V			1
RIG	Ringvorlesung Informatik und Gesell-schaft, Veranstaltung des M.Sc. Informa-tik im Modul M-ERG	V	2V			2
LTX	Einführung in die Textsatzsprache LA-TEX, Veranstaltung des M.Sc. Informatik im Modul M-ERG	V+Ü	1V, 1Ü			1

2. Die Beschreibung des Moduls 5 (Schlüsselqualifikationen, M-BioInf-Pflicht-SQU) erhält die Fassung:

   „Dieses Modul wird durch den Nachweis der Teilnahme an nachfolgenden Veranstaltungen im Umfang von 5 CP abgeschlossen. Die Veranstaltung „Verfassen eines Antrags“ ist Pflichtveranstaltung. Aus dem Studiengang M.Sc. Informatik können die Veranstaltungen EITP, PITP, RIG und LTX des Moduls M-ERG gewählt werden. Von den Veranstaltungen EITP und PITP darf lediglich eine Veranstaltung eingebracht werden. Die Beschreibung der Ver-anstaltungen EITP, PITP, RIG und LTX sind im aktuellen Modulhandbuch des Studiengangs M.Sc. Informatik.“

3. Die Anzahl der Credit Points (CP) der Veranstaltung Softskills (SOS) des Moduls 5 (Schlüsselqualifikationen, M-Bio-Inf-Pflicht-SQU) wird von 3 CP in 1-3 CP geändert.

4. Die Beschreibung der Veranstaltung Softskills (SOS) des Moduls 5 (Schlüsselqualifikationen, M-BioInf-Pflicht-SQU) wird um den Satz

   „Informationen zur Anerkennung und zu Angeboten von Soft Skill-Kursen finden Sie auf der Seite des Prüfungsamts Informatik."

   ergänzt.

5. Die Anzahl der Credit Points (CP) der Veranstaltung Gremienarbeit (GRAM) des Moduls 5 (Schlüsselqualifikationen, M-BioInf-Pflicht-SQU) wird von 3 CP in 1-3 CP geändert.

6. In der Beschreibung des Moduls 9 (Masterarbeit, M-BioInf-Pflicht-MA) erhält der Text unter „Teilnahmevoraussetzungen" die Fassung

   „Die Zulassung zur Masterarbeit setzt den Nachweis von 60 CP aus dem Masterstudiengang Bioinformatik voraus."

7. In der Beschreibung des Moduls 15 (Grundlagen der Theoretischen Biologie II - Mathematische Modellierung, M-BioInf-Wahl-TheoBio2, Wahlpflichtbereich) erhält der Text unter „Modulprüfung" die Fassung:

   „Je nach Anzahl der Studierenden eine mündliche Prüfung oder eine 90-minütige Klausur"

8. Unter „Wahlpflichtbereich, Importmodule Informatik" wird die Liste der Importmodule aus dem Studiengang M.Sc. Informatik gestrichen. Der Text unter „Wahlpflichtbereich, Importmodule Informatik" erhält die Fassung:

   „Module mit der Lehr/Lernform „Vorlesung" oder „Vorlesung mit Übungen" des Masterstudiengangs Informatik können für den Wahlpflichtbereich absolviert werden. Hierbei kann jede Veranstaltung nur einmal eingebracht werden.

   Für die Importmodule aus dem Masterstudiengang Informatik gilt die Prüfungsordnung des Masterstudiengangs Informatik in der aktuellen Version. Insbesondere finden zu Verbesserungsversuchen die Regelungen der Prüfungsordnung des Masterstudiengangs Informatik auch für die Studierenden der Masterordnung Bioinformatik Anwendung. Die Anzahl der Versuche zur Notenverbesserung ist auf maximal drei beschränkt. § 40 Absatz (8) bleibt unberührt."

Am 28.11.2022 der Fachbereichsrat Informatik und Mathematik und am 19.09.2022 der Fachbereichsrat Biowissenschaften:

1. Der Wahlpflichtbereich wird erweitert um das Modul 69, M-Bioinf-Wahl-EvolBioseqInf, „Evolutionäre Biosequenz-informatik“, 11 CP, Modulbeauftragter Prof. Ingo Ebersberger.

2. Das Modul 13, Vertiefung biologische Systeme, M-BioInf-Wahl-VBS, wird wie folgt geändert:
    a. Die Anzahl CP wird von bisher 6-12CP auf 3-12 CP geändert.
    b. Die Liste der wählbaren Vorlesungen wird ersatzlos gestrichen.
    c. Der erste Staz des Textes wird ersetzt durch den Satz:
    “Das Modul „Vertiefung biologische Systeme“ erlaubt Vorlesungen aus den Modulen MSc-Molbio-3 bis MSc-Molbio-10 des Masterstudiengangs „Molekulare Biowissenschaften“ und Vorlesungen aus Wahlpflichtmodulen des Masterstudiengangs „Ökologie und Evolution“ des Fachbereichs Biowissen-schaften zu belegen.”

Inhalt

Pflichtbereich ... 7

Modul 1: Struktur und Funktion von Biomakromolekülen , M-BioInf-Pflicht-StruFu ... 8

Modul 2: Algorithmen der Systembiologie, M-BioInf-Pflicht-ASB ... 10

Modul 3: Aktuelle Themen der Systembiologie, M-BioInf-Pflicht-ASB-S ... 12

Modul 4: Bioinformatik Forschungspraktikum, M-BioInf-Pflicht-FP ... 14

Modul 5: Schlüsselqualifikationen, M-BioInf-Pflicht-SQU ... 16

Schlüsselqualifikation - Softskills ... 17

Schlüsselqualifikation - Mentoring ... 19

Schlüsselqualifikation - Tutoriumsleitung ... 21

Schlüsselqualifikation - Verfassen eines Antrags ... 23

Schlüsselqualifikation - Gremienarbeit ... 25

Schlüsselqualifikation - Einführung in das IT-Projektmanagement ... 27

Schlüsselqualifikation - Prinzipien des IT-Projektmanagements ... 27

Schlüsselqualifikation - Ringvorlesung Informatik und Gesellschaft ... 27

Schlüsselqualifikation - Einführung in die Textsatzsprache LATEX ... 27

Modul 6: Algorithmen der Sequenzanalyse, M-BioInf-Pflicht-ASA ... 28

Modul 7: Aktuelle Themen der Sequenzanalyse: Algorithmen, M-BioInf-Pflicht-ASA-S ... 30

Modul 8: Neuro-Bioinformatik, M-BioInf-Pflicht-NBI ... 32

Modul 9: Masterarbeit, M-BioInf-Pflicht-MA ... 34

Wahlpflichtbereich, Module Bioinformatik ... 36

Modul 10, Aktuelle Themen der Bioinformatik, M-BioInf-Wahl-BI-S ... 37

Modul 11, Algorithmen der bioinformatischen Netzwerkanalyse, M-BioInf-Wahl-Net ... 39

Modul 12, Hochdurchsatzanalysen und bioinformatische Strukturvorhersagen in Pflanzen, M-BioInf-Wahl-HSP ... 41

Modul 13, Vertiefung biologische Systeme, M-BioInf-Wahl-VBS ... 43

Modul 14, Ethik in den Molekularen Biowissenschaften, M-BioInf-Wahl-Ethik ... 44

Modul 15: Grundlagen der Theoretischen Biologie II - Mathematische Modellierung, M-BioInf-Wahl- TheoBio2 ... 45

Modul 67, Algorithmen der Epigenomik, M-BioInf-Wahl-AlgoEpi ... 47

Modul 68, Vertiefende Algorithmen der Sequenzanalyse, M-BioInf-Wahl-AlgoSeq 49

Modul 69, Evolutionäre Biosequenzinformatik, M-BioInf-Wahl- EvoBioseqInf 51
Modul 70, Vergleichende Genomik, M-BioInf-Wahl- VerglGen 53
Wahlpflichtbereich, Importmodule Medizin 55
Modul 16, Molekulare Onkologie und Tumorimmunologie, M-BioInf-Wahl-MOT .. 56
Modul 17, Molekulare Arzneimittelforschung, M-BioInf-Wahl-MAF 58
Wahlpflichtbereich, Importmodule Chemie 60
Wahlpflichtbereich, Importmodule Biophysik 61
Wahlpflichtbereich, Importmodule Biowissenschaften 62
Wahlpflichtbereich, Importmodule Informatik 63

Pflichtbereich

Modul-nr.	Modul	ECTS	Modulbezeichnung	Fachbereich/e
1	M-BioInf-Pflicht-StruFu	7	Struktur und Funktion von Biomakromolekülen	FB 14
2	M-BioInf-Pflicht-ASB	6	Algorithmen der Systembiologie	FB 12
3	M-BioInf-Pflicht-ASB-S	5	Aktuelle Themen der Systembiologie	FB 12
4	M-BioInf-Pflicht-FP	15	Bioinformatik Forschungspraktikum	FB 12, 13, 14, 15, 16
5	M-BioInf-Pflicht-SQU	5	Schlüsselqualifikationen	FB 12, 15
6	M-BioInf-Pflicht-ASA	6	Algorithmen der Sequenzanalyse	FB 15
7	M-BioInf-Pflicht-ASA-S	5	Seminar Aktuelle Themen der Sequenzanalyse: Algorithmen	FB 15
8	M-BioInf-Pflicht-NBI	9	Neuro-Bioinformatik	FB 12
9	M-BioInf-Pflicht-MA	30	Masterarbeit	FB 12, 13, 14, 15, 16

Modul 1: Struktur und Funktion von Biomakromolekülen , M-BioInf-Pflicht-StruFu

K2.2 **Structure and Function of Biomacromolecules**	**Struktur und Funktion von Biomakromolekülen**	**Pflichtmodul**	**7 CP (insg.) = 210 h**		**4 SWS**
			Kontaktstudium **4 SWS / 60 h**	**Selbststudium** **150 h**	

Inhalte

Strukturbestimmung von Wirkstoffen und Biomakromolekülen als Grundlage zum Verständnis ihrer Funktion.

Röntgenstrukturanalyse: Strukturelle und konformationell dynamische Eigenschaften von Molekülen/Biomakromolekülen; Struktur/Wirkungs-Beziehungen, Einführung in die rechengestützte Beschreibung und Analyse von Molekülen/Biomakromolekülen (Molecular Modelling), Kristallisation von Molekülen insbesondere Biomakromolekülen, Beurteilung und Bearbeitung von Kristallen als Vorbereitung eines Messexperimentes, Durchführung eines Messexperimentes, Einführung in kristallographische Grundlagen (Kristallsymmetrie und Raumgruppen, Beugung von Röntgenstrahlen an Kristallen), besondere Herausforderungen in der Strukturlösung von Biomakromolekülen wie der Lösung des Phasenproblems, Ermittlung von Reaktionswegen aus Kristallstrukturen.

NMR-Spektroskopie: theoretische Grundlagen der NMR-Spektroskopie, Einführung des Produktoperator-Formalismus zur Beschreibung von NMR-Experimenten, grundlegende NMR-Experimente, Abhängigkeit der NMR-Messgrößen von Strukturparametern und der Moleküldynamik, Strukturbestimmung von Proteinen und RNA.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Die Studierenden werden mit den wichtigsten Methoden zur Strukturbestimmung von Wirkstoffen und Biomakromolekülen vertraut gemacht und erwerben ein Verständnis für den komplexen Zusammenhang zwischen der dreidimensionalen Struktur von Molekülen und Ihrer biologischen Funktion. Sie kennen die Möglichkeiten und Grenzen der verwendeten Strukturbestimmungsmethoden und sind in der Lage, den Informationsgehalt und die Zuverlässigkeit von publizierten Strukturen zu beurteilen. Darüber hinaus helfen ihnen die vermittelten Kenntnisse bei der Lösung von Strukturproblemen im Rahmen der späteren eigenen wissenschaftlichen Arbeit.

Vermittlung wissenschaftlichen Arbeitens.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	M.Sc. Chemie / FB 14
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	M.Sc. Biophysik / FB 13; M.Sc. Zellulärer und Molekularer Biochemie / FB 14
Häufigkeit des Angebots	Einmal im Jahr (im Wintersemester).
Dauer des Moduls	1 Semester – Die Vorlesung teilt sich in die Hälften „Röntgenstrukturanalyse“ (Prof. M. Grininger) und „NMR-Spektroskopie“ (Prof. H. Schwalbe).
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. M. Grininger
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	

Teilnahmenachweise	Übung: Regelmäßige Teilnahme, Bearbeitung der Übungen
Leistungsnachweise	Keine
Lehr- / Lernformen	Vorlesung, Übung
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch (teils Englisch)
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Schriftliche Abschlussprüfung (Klausur 180 Minuten)
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
OC IV – Struktur und Funktion von Biomakromolekülen	V	3	*5*			*5*	
OC IV – Struktur und Funktion von Biomakromolekülen	Ü	1	*2*			*2*	
Modulprüfung							
Summe		4	7				

Modul 2: Algorithmen der Systembiologie, M-BioInf-Pflicht-ASB

ASB	Algorithmen der Systembiologie	Pflichtmodul	6 CP (insg.) = 180 h		4 SWS
			Kontaktstudium	Selbststudium	
			2 SWS / 60 h	120 h	

Inhalte

- Topologische Analyse, scale-free Netzwerke,
- Qualitative Methoden: Bolsche Netzwerke, Flux Balance Analysis, Konzept der Elementarmoden und Extreme Pathways, Petrinetz-Modellierung, Invariantenanalyse in Petrinetzen, Minimal Cut sets,
- Quantitative Modellierung: Sensitivitätsanalyse (Metabolic Control Analysis, gewöhnliche Differenzialgleichungssysteme) kontinuierliche und Hybride Petrinetze, Methoden zur Vorhersage kinetischer Parameter, Stochastische Modellierung (Bayessche Netze, Gillespie-Algorithmus, stochastische Petrinetze),
- Netzwerkgenerierung aus experimentellen Daten: graphentheoretische Ansätze, Optimierungsansätze, Reverse-engineering-Verfahren.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Dieses Modul dient der Hinführung der Studierenden zu selbständiger wissenschaftlicher Arbeit in den an der Goethe-Universität Frankfurt am Main vertretenen Forschungsschwerpunkten im Bereich der Bioinformatik. Das Modul repräsentiert den aktuellen Stand der Forschung in dem Gebiet der Theoretischen Systembiologie. Es wird die Kenntnis der grundlegenden Algorithmen und Methoden der Systembiologie und die Fähigkeit, diese einzuschätzen und anzuwenden, vermittelt. Die Studentinnen und Studenten erwerben vertiefende Kenntnisse des Forschungsgebietes. Sie lernen die dazu gehörenden Algorithmen sowohl von der Theorie als auch von der Anwendung her, kennen. Sie lernen wissenschaftlich zu arbeiten, eine ordentliche Literaturrecherche zu Beginn durchzuführen, die Methoden auszuwählen und anzuwenden, die wissenschaftlichen Ergebnisse zu diskutieren, zu dokumentieren und zu präsentieren. Dazu werden Kenntnisse im wissenschaftlichen Vortragen und wissenschaftlichen Schreiben vermittelt.

Kompetenzziele:

Die Studentinnen und Studenten können die Algorithmen der Systembiologie, die sie zur Lösung ihrer Aufgabenstellung benötigen, selbständig auswählen sowohl von der Theorie als auch von der Anwendung her. Sie sind in der Lage wissenschaftlich zu arbeiten, eine ordentliche Literaturrecherche zu Beginn durchzuführen, die Methoden auszuwählen und anzuwenden, die wissenschaftlichen Ergebnisse zu diskutieren, zu dokumentieren und zu präsentieren. Dazu wenden sie selbständig ihre Kenntnisse im wissenschaftlichen Vortragen und wissenschaftlichen Schreiben an. Das entspricht der Taxonomiestufe K6 (Beurteilung) nach Bloom. Sie ist die höchste und beinhaltet alle vorhergehenden, K1 (Wissen), K2 (Verständnis), K3 (Anwendung), K4 (Analyse) und K5 (Synthese).

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB Informatik und Mathematik

Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik, Pflichtmodul im Vertiefungsgebiet Netzwerkanalyse / Systems Biology
Häufigkeit des Angebots	jährlich im WS
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ina Koch
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Vorlesung mit Übungen
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Je nach Anzahl der Studierenden eine mündliche Prüfung oder eine 180-minütige Klausur
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Algorithmen der Systembiologie	V	3					
Algorithmen der Systembiologie	Ü	1					
Modulprüfung							
Summe		4					

Modul 3: Aktuelle Themen der Systembiologie, M-BioInf-Pflicht-ASB-S

ASB-S	Aktuelle Themen der Systembiologie	Pflichtmodul	5 CP (insg.) = 150 h		2 SWS
			Kontaktstudium 1 SWS / 30 h	Selbststudium 120 h	

Inhalte

Aktuelle Themen im Bereich der Theoretischen Systembiologie, insbesondere bezüglich neuer Algorithmen, Methoden und Anwendungen, sind anhand von Originalarbeiten und ergänzender Literatur vorzustellen.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Lernergebnisse:

Dieses Modul dient der Hinführung der Studierenden zu selbständiger wissenschaftlicher Arbeit in aktuellen Forschungsschwerpunkten im Bereich der Systembiologie. Die Studierenden erarbeiten sich selbständig anhand einer aktuellen Publikation eine Methode, einen Algorithmus oder eine Pipeline in dem Gebiet der Systembiologie. Sie präsentieren den Inhalt der Publikation in einem englischsprachigen Vortrag und einer englischsprachigen Diskussion. Zugleich verfassen sie ein Essay in deutscher oder englischer Sprache, in welchem sie die Publikation zusammenfassen und bewerten. Sie beteiligen sich nicht nur im Rahmen ihres Vortrags an der Diskussion, sondern sind Opponentin oder Opponent bei einem anderen Seminarvortrag, stellen zu jedem anderen Vortrag mindestens einer Frage und agieren einmal als Moderator.

Kompetenzziele:

Die Studentinnen und Studenten können sich aktuelle Publikationen einer Methode, eines Algorithmus‘ oder einer Pipeline in dem Gebiet der Systembiologie selbständig erarbeiten, bewerten und darüber in einem Seminar auf Englisch referieren. Sie sind in der Lage, als Opponentin oder Opponent an einer wissenschaftlichen Diskussion teilzunehmen, zu jedem Vortrag mindestens eine Frage zu stellen und als Moderatorin oder Moderator eine wissenschaftliche Veranstaltung zu leiten. Sie sind in der Lage, ein kurzes Essay zum Inhalt der Publikation zu verfassen und ihre Meinung darzulegen. Dazu wenden sie selbständig ihre Kenntnisse im wissenschaftlichen Vortragen und wissenschaftlichen Schreiben an. Das entspricht der Taxonomiestufe K6 (Beurteilung) nach Bloom. Sie ist die höchste und beinhaltet alle vorhergehenden, K1 (Wissen), K2 (Verständnis), K3 (Anwendung), K4 (Analyse) und K5 (Synthese).

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik, Pflichtmodul im Vertiefungsgebiet Netzwerkanalyse / Systems Biology
Häufigkeit des Angebots	jährlich im WS
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ina Koch

Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Seminar
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Schriftliche Ausarbeitung und Vortrag.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Aktuelle Themen der Systembiologie	S	2	5				
Modulprüfung							
Summe		2	5				

Modul 4: Bioinformatik Forschungspraktikum, M-BioInf-Pflicht-FP

FP	Bioinformatik-Forschungspraktikum	Pflichtmodul	15 CP (insg.) = 450 h		8 SWS
			Kontaktstudium 3 SWS / 120 h	Selbststudium 330 h	

Inhalte

Es wird ein Praktikum in einer Forschungsgruppe der Goethe-Universität Frankfurt am Main, einer anderen wissenschaftlichen Einrichtung oder in der Industrie durchgeführt. Dabei werden aktuelle Themen der Forschung in eigenen Projekten bearbeitet.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Die Studentinnen und Studenten erwerben vertiefende Kenntnisse des jeweiligen Forschungsgebietes. Sie lernen die dazu gehörenden Algorithmen sowohl von der Theorie als auch von der Anwendung her, kennen. Sie lernen in den jeweiligen Arbeitsgruppen, wissenschaftlich zu arbeiten, eine ordentliche Literaturrecherche zu Beginn durchzuführen, die Methoden auszuwählen und anzuwenden, die wissenschaftlichen Ergebnisse zu diskutieren, zu dokumentieren und zu präsentieren. Dazu werden Kenntnisse im wissenschaftlichen Vortragen und wissenschaftlichen Schreiben vermittelt.

Kompetenzziele: Die Studentinnen und Studenten können die Algorithmen, die sie zur Lösung ihrer Aufgabenstellung benötigen, selbständig auswählen sowohl von der Theorie als auch von der Anwendung her. Sie sind in der Lage wissenschaftlich zu arbeiten, eine ordentliche Literaturrecherche zu Beginn durchzuführen, die Methoden auszuwählen und anzuwenden, die wissenschaftlichen Ergebnisse zu diskutieren, zu dokumentieren und zu präsentieren. Dazu wende sie selbständig ihre Kenntnisse im wissenschaftlichen Vortragen und wissenschaftlichen Schreiben an. Das entspricht der Taxonomiestufe K6 (Beurteilung) nach Bloom. Sie ist die höchste und beinhaltet alle vorhergehenden, K1 (Wissen), K2 (Verständnis), K3 (Anwendung), K4 (Analyse) und K5 (Synthese).

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Ein Antrag in Form einer detaillierten Beschreibung des Vorhabens muss von der Modulkoordinatorin oder von dem Modulkoordinator akzeptiert werden.

Empfohlene Voraussetzungen

Die Pflichtmodule zu den Vertiefungsgebieten gemäß §19, Abs. 2.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik, Forschungsmodul
Häufigkeit des Angebots	jedes Semester
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ina Koch
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	

Lehr- / Lernformen	FP
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Benotete Studienleistung in Form eines Berichts.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Forschungspraktikum	PR	8	15				
Modulprüfung							
Summe							

Modul 5: Schlüsselqualifikationen, M-BioInf-Pflicht-SQU

SQU: Schlüsselqualifikation	**PF**	**5 CP**
Dieses Modul wird durch den Nachweis der Teilnahme an nachfolgenden Veranstaltungen im Umfang von 5 CP abgeschlossen. Die Veranstaltung „Verfassen eines Antrags" ist Pflichtveranstaltung. Aus dem Studiengang M.Sc. Informatik können die Veranstaltungen EITP, PITP, RIG und LTX des Moduls M-ERG gewählt werden. Von den Veranstaltungen EITP und PITP darf lediglich eine Veranstaltung eingebracht werden. Die Beschreibung der Veranstaltungen EITP, PITP, RIG und LTX sind im aktuellen Modulhandbuch des Studienganges M.Sc. Informatik.		
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Koch	

Kürzel	**Veranstaltungstitel**	**Form**	**SWS**	**CP Kontakt-studium**	**CP Selbst-studium**	**CP**
SOS	Softskills		1-3	0.5-1 (15-30 h)	0.5-2 (15-60 h)	1-3
MT	Mentoring	S	3	1 (30 h)	2 (60 h)	2
TL	Tutoriumsleitung	S	3	1 (30 h)	2 (60 h)	3
VA	Verfassen eines Antrags, Pflicht		2			2
GR	Gremienarbeit					1-3
EITP	Einführung in das IT-Projektmanagemen, Veranstaltung des M.Sc. Informatik im Moduls M-ERG-	V+Ü	1V, 1Ü			3
PITP	Prinzipien des IT-Projektmanagements, Veranstaltung des M.Sc. Informatik im Moduls M-ERG	V	1V			1
RIG	Ringvorlesung Informatik und Gesellschaft, Veranstaltung des M.Sc. Informatik im Moduls M-ERG	V	2V			2
LTX	Einführung in die Textsatzsprache LATEX, Veranstaltung des M.Sc. Informatik im Moduls M-ERG	V+Ü	1V, 1Ü			1

Schlüsselqualifikation - Softskills

SQU-SOS	Schlüsselqualifikation Softskills	Wahlpflicht	1-3 CP (insg.) = 30-90 h		1-3 SWS
			Kon-taktstudium 0.5-1 SWS / 15-30 h	Selbststudium 15-60 h	

Inhalte

Es können im entsprechenden Umfang Veranstaltungen gewählt werden, die Sozial- und Kommunikationskompetenz, Handlungs-und Selbstkompetenz, Präsentationstechniken, Themen aus den Bereichen „Informatik und Gesellschaft“, „Wissenschaftsethik“ oder weitere Soft Skills vermitteln. Derartige Veranstaltung werden z.B. unter Schlüsselkompetenzen vom Career Service und vom Zentrum Naturwissenschaften der Johann Wolfgang Goethe Universität angeboten. Informationen zur Anerkennung und zu Angeboten von Soft Skill-Kursen finden Sie auf der Seite des Prüfungsamts Informatik.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Erwerb und Verbesserung von Kompetenzen und Fähigkeiten, welche auf die Anforderungen eines späteren Berufslebens in leitenden, wissenschaftlichen Tätigkeit vorbereiten.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine

Empfohlene Voraussetzungen

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik /FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik, Wahlpflicht
Häufigkeit des Angebots	In jedem Semester
Dauer des Moduls	
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Koch
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Bescheinigung vom Anbieter
Leistungsnachweise	Keine
Lehr- / Lernformen	beliebig
Unterrichts- / Prüfungssprache	

		LV-Form	SWS	CP	Semester			
					1	2	3	4

	Veranstaltungsname		1-3	1-3				3
	Summe		3	3				3

Schlüsselqualifikation - Mentoring

SQU-MT	Schlüsselqualifikation Mentoring	Wahlpflicht	2 CP (insg.) = 60 h		3 SWS
			Kontaktstudium 1 SWS / 30 h	Selbststudium 30 h	

Inhalte

Mentoring von jeweils zwei Gruppen von Studierenden der Bachelorstudiengänge Bioinformatik oder Informatik im ersten und zweiten Fachsemester mit jeweils 5 Präsenzsitzungen pro Gruppe im ersten Fachsemester und jeweils 2 Präsenzsitzungen im zweiten Fachsemester. In den Treffen behandelte Themen: Anleitung zum Studieren, Beantworten von Fragen, Weitergeben von Erfahrungen an die Studierenden und Hilfe bei der Selbstorganisation.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Kommunikations- und Präsentationsfähigkeit; soziale Fähigkeit zum Leiten einer Gruppe.

Vermittlung wissenschaftlichen Arbeitens.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Vor der Teilnahme ist eine Schulung durchzuführen. Der Veranstaltungsleiter oder die Veranstaltungsleiterin kann die Zulassung von den Leistungen innerhalb der Schulung abhängig machen.

Nützliche Vorkenntnisse: Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik /FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik, Wahlpflicht
Häufigkeit des Angebots	jährlich
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Mentoring
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Ein Testat wird nach erfolgreicher Betreuung des Tutoriums ausgestellt.

kumulative Modulprüfung bestehend aus:	Die Veranstaltung VA ist Pflichtveranstaltung des Moduls, aus den Wahlpflichtver-anstaltungen MT, TL und EN ist eine Veranstaltung zu wählen.
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Mentoring	Mentoring	3	2				
Modulprüfung							
Summe							

Schlüsselqualifikation - Tutoriumsleitung

SQU-TL	Schlüsselqualifikation Tutoriumsleitung	Wahlpflicht	3 CP (insg.) = 90 h		1 SWS
			Kontaktstudium 1 SWS / 30 h	Selbststudium 60 h	

Inhalte

Leitung einer Übungsgruppe oder einer Praktikumsgruppe im Umfang einer Semesterwochenstunde. Anleitung anderer Studierender bei der Lösung der Übungsaufgaben und/oder Präsentation der Lösungen bzw. der zughörigen Lösungsverfahren, oder Unterstützung und Begleitung einer Praktikumsgruppe bei der Lösung und Dokumentation der Praktikumsaufgaben. Die Studierenden, die eine Tutoriumsleitung durchführen, wenden durch den Veranstalter oder die Veranstalterin auf ihre Tätigkeit vorbereitet. Während der Veranstaltung findet eine regelmäßige, begleitende Betreuung durch den Veranstaltungsleiter oder die Veranstaltungsleiterin statt.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Kommunikations- und Präsentationsfähigkeit; Fähigkeit zum Leiten einer Lerngruppe; Entwicklung der hochschuldidaktischen Fähigkeiten.

Vermittlung wissenschaftlichen Arbeitens.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik /FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik, Wahlpflicht
Häufigkeit des Angebots	jedes Semester
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Tutoriumsleitung
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Ein Testat wird nach erfolgreicher Betreuung des Tutoriums ausgestellt.

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Tutoriumsleitung	Tutorium	1	3				
Modulprüfung							
Summe							

Schlüsselqualifikation - Verfassen eines Antrags

SQU-VA	Schlüsselqualifikation Verfassen eines Antrags	Pflicht	2 CP (insg.) = 60 h		1 SWS
			Kontaktstudium 0 SWS / 0 h	Selbststudium 60 h	

Inhalte

Innerhalb der Veranstaltung muss ein fiktiver Antrag auf Forschungs- oder Ausbildungsfinanzierung verfasst werden. Die Veranstaltung „Verfassen eines Antrags“ ist Pflichtveranstaltung des Moduls.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Das selbständige Finden von Fördermöglichkeiten und das Verfassen eines entsprechenden Antrags.

Vermittlung wissenschaftlichen Arbeitens.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik /FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik
Häufigkeit des Angebots	jährlich
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Verfassen eines Antrags		1	2				

	Modulprüfung							
	Summe							

Schlüsselqualifikation - Gremienarbeit

SQU-GR Work in committees	Schlüsselqualifikation Gremienarbeit	Wahlpflicht	1-3 CP (insg.) = 30-90 h		1-3 SWS
			Kontaktstudium 0.5-1.5 SWS / 20-60 h	Selbststudium 10-30 h	

Inhalte

Mitglied der Gremien des Fachbereichs Informatik und Mathematik oder des Instituts für Informatik.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Verständnis der Selbstverwaltung der Universität und der Organisation einer Universität

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Die Mitgliedschaft in Gremien wird durch Wahl entsprechend den Satzungen und Regelungen bestimmt. Dies beschränkt die Teilnahme an dieser Veranstaltung.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB 12
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik, Wahlpflicht
Häufigkeit des Angebots	In jedem Semester
Dauer des Moduls	4 Semester
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ina Koch
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Teilnahmenachweis (Anwesenheitsliste)
Leistungsnachweise	Die Studienleistung wird erworben bei Mitgliedschaft und Mitarbeit in den Gremien des Fachbereichs oder Instituts. Die CP-Berechnung erfolgt nach dem Schlüssel, dass pro Semester und Gremium 0.5 CP vergeben werden. Entsprechende Bescheinigungen werden durch die Dekanin oder den Dekan des Fachbereichs Informatik und Mathematik oder die Geschäftsführende Direktorin oder den Geschäftsführenden Direktor des Instituts für Informatik ausgestellt. Keine Benotung.
Lehr- / Lernformen	Gremienarbeit
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch

Veranstaltungsname	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4

	Gremienarbeit	S	2	2	0.5	0.5	0.5	0.5
	Summe		2	2	0.5	0.5	0.5	0.5

Schlüsselqualifikation - Einführung in das IT-Projektmanagement

Von den Veranstaltungen Einführung in das IT-Projektmanagement und Prinzipien des IT-Projektmanagements darf lediglich eine Veranstaltung eingebracht werden. Die Beschreibung der Veranstaltungen Einführung in das IT-Projektmanagement ist im aktuellen Modulhandbuch des Studienganges M.Sc. Informatik.

Schlüsselqualifikation - Prinzipien des IT-Projektmanagements

Von den Veranstaltungen Einführung in das IT-Projektmanagement und Prinzipien des IT-Projektmanagements darf lediglich eine Veranstaltung eingebracht werden. Die Beschreibung der Veranstaltungen Prinzipien des IT-Projektmanagements ist im aktuellen Modulhandbuch des Studienganges M.Sc. Informatik.

Schlüsselqualifikation - Ringvorlesung Informatik und Gesellschaft

.Die Beschreibung der Veranstaltungen Ringvorlesung Informatik und Gesellschaft ist im aktuellen Modulhandbuch des Studienganges M.Sc. Informatik.

Schlüsselqualifikation - Einführung in die Textsatzsprache LATEX

.Die Beschreibung der Veranstaltungen Einführung in die Textsatzsprache LATEX ist im aktuellen Modulhandbuch des Studienganges M.Sc. Informatik.

Modul 6: Algorithmen der Sequenzanalyse, M-BioInf-Pflicht-ASA

ASA	Algorithmen der Sequenzanalyse	Pflichtmodul	6 CP (insg.) = 180 h		4 SWS
			Kontaktstudium 2 SWS / 60 h	Selbststudium 120h	

Inhalte

In diesem Modul werden Algorithmen und Methoden zur Rekonstruktion und der bioinformatischen Analyse biologischer Sequenzen behandelt. Das Spektrum umfasst die Assemblierung von Genomen und Transkriptomen mittels Daten aus der Hochdurchsatzsequenzierung. Darauf aufbauend werden Verfahren zur Genomannotation, zur Indizierung großer Sequenzdatenmengen, zur stochastischen Modellierung biologischer Sequenzen und deren zeitabhängige Veränderung, zum multiplen Sequenzalignment, zur funktionellen Annotation von Proteinsequenzen und schließlich zur Rekonstruktion evolutionärer Verwandtschaftsverhältnisse im Kontext der Phylogenomik vorgestellt.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Nach Abschluss dieses Moduls kennen die Studierenden den algorithmischen Weg von einem Sequenzread als Ergebnis einer biochemischen Reaktion, über die Rekonstruktion von Genomen bis hin zu bioinformatischen Analyse von Sequenzfunktion und -Evolution. Sie lernen anhand ausgewählter Beispiele, dass jedem bioinformatischen Algorithmus eine Reihe von Annahmen zugrunde liegt, und sie verstehen die Risiken abzuschätzen, die entstehen, wenn diese Annahmen durch die Daten verletzt werden. Dieses Wissen schafft die Grundvoraussetzung selbstständig eine informierte Wahl eines passenden Algorithmus für ein Sequenzanalyse-Problem zu treffen. Schließlich sind sie in der Lage das Ergebnis einer Sequenzanalyse im Hinblick auf Rauschen, Signal und Artefakt zu interpretieren.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Nützliche Vorkenntnisse: Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB 15
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	jährlich im Sommersemester
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ebersberger
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Keine.
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Vorlesung mit Übungen
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**

Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Zur Veranstaltung ASA: Je nach Anzahl der Teilnehmer und Teilnehmerinnen eine mündliche Prüfung oder eine 180- minütige Klausur.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Algorithmen der Sequenzanalyse	Vorlesung	3			3		
Algorithmen der Sequenzanalyse	Übung	1			1		
Modulprüfung							
Summe		4	6		4		

Modul 7: Aktuelle Themen der Sequenzanalyse: Algorithmen, M-BioInf-Pflicht-ASA-S

ASA-S	Aktuelle Themen der Sequenzanalyse: Algorithmen	Pflichtmodul	5 CP (insg.) = 150 h		3 SWS
			Kontaktstudium 2 SWS / 90 h	Selbststudium 60 h	

Inhalte

Aktuelle Themen im Bereich der Sequenzanalyse und Phylogenie, insbesondere bezüglich neuer Algorithmen, Methoden und Anwendungen, sind anhand von Originalarbeiten und ergänzender Literatur vorzustellen.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Das Kennenlernen neuester Forschungsergebnisse in der Genomanalyse und phylogenetischen Analyse, das Verstehen wissenschaftlicher Originaltexte, die Fähigkeit zur Einordnung der Inhalte und Aussagen sowie deren Wiedergabe in eigener Darstellung in einem begrenzten Zeitrahmen.

Vermittlung wissenschaftlichen Arbeitens.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Nützliche Vorkenntnisse: Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB 15
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	jährlich im Sommersemester
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ebersberger
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	Keine.
Lehr- / Lernformen	Seminar
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Schriftliche Ausarbeitung und Vortrag.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

		LV-Form	SWS	CP	Semester			
					1	2	3	4

	Aktuelle Themen der Sequenzanalyse: Algorithmen	Seminar	2	5		5		
	Modulprüfung							
	Summe		2	5		5		

Modul 8: Neuro-Bioinformatik, M-BioInf-Pflicht-NBI

NBI	Neuro-Bioinformatik	Pflichtmodul	9 CP (insg.) = 270 h		6 SWS
			Kontaktstudium 3 CP, 2 SWS, 90h	Selbststudium 6 CP, 180 h	

Inhalte

Die Veranstaltung Neuro-Bioinformatik führt in die theoretischen Neurowissenschaften ein und stellt fortgeschrittene Ansätze aus diesem Bereich vor. In der Einführung wird das für die interdisziplinäre Arbeit benötigte Vokabular vorgestellt. Etablierte Modelle aus dem Bereich der Signalverarbeitung in Zellen und Netzwerken werden an konkreten Beispielen erörtert. Aufbauend darauf werden fortgeschrittene biophysikalische Modelle diskutiert, welche eine detaillierte räumliche und zeitliche Auflösung umfassen. Auf methodischer Seite werden dazu numerische Verfahren zur Behandlung gewöhnlicher und partieller Differentialgleichungen eingeführt, analysiert und angewendet. Es werden zudem ausgewählte Themen aus der aktuellen Forschung betrachtet.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Die Studierenden verfügen über umfangreiche Kenntnisse der Modellierung dynamischer Prozesse in den Neurowissenschaften und können entsprechende Modelle herleiten. Die Teilnehmenden können die Modelle mathematisch analysieren, untersuchen und klassifizieren. Hierzu werden Kenntnisse aus dem Bereich gewöhnlicher und partieller Differentialgleichungen erworben und angewendet. Die Studierenden können numerische Verfahren zur Approximation dynamischer Prozesse analysieren, evaluieren und umsetzen. In Übungen wird die Kompetenz erworben, die Verfahren praktisch umzusetzen. Mit Kenntnissen aus diesen Einzelschritten sind die Studierenden am Ende der Veranstaltung in der Lage, komplexe Fragestellungen aus der Neurobiologie in einer interdisziplinären Simulationspipeline umzusetzen.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB 12
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	Einmal im Jahr, Sommersemester
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Wittum
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Keine
Leistungsnachweise	Keine
Lehr- / Lernformen	Vorlesung mit Übungen
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**

Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Je nach Anzahl der Teilnehmer und Teilnehmerinnen eine mündliche Prüfung oder eine 120-minütige Klausur.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Neuro-Bioinformatik	Vorlesung	4		4			
Neuro-Bioinformatik	Übung	2		2			
Modulprüfung							
Summe		6	9				

Modul 9: Masterarbeit, M-BioInf-Pflicht-MA

MA	Masterarbeit Bioin-formatik	Pflichtmodul	30 CP (insg.) = 900 h		SWS

Inhalte

Die Masterarbeit soll zeigen, dass der oder die Studierende in der Lage ist, eine umfangreichere (als in der Bachelorarbeit) wissenschaftliche Aufgabenstellung aus der Bioinformatik selbstständig nach wissenschaftlichen Methoden zu bearbeiten. Ziel ist es, einen eigenständigen, wissenschaftlichen Beitrag zu leisten, der zu aktuellen Forschungsthemen beiträgt und in Publikationen mündet.

Die Masterarbeit kann bei Themenstellung auch als Gruppenarbeit zugelassen werden, wenn der als Prüfungsleistung zu bewertende Beitrag der Einzelnen aufgrund der Angabe von Abschnitten, Seitenzahlen oder anderen objektiven Kriterien, die eine eindeutige Abgrenzung ermöglichen, erkennbar ist. Je nach Thema der Arbeit sollen ethische Aspekte dargestellt und diskutiert werden.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Die Studierenden lernen unter Anleitung sich in eine wissenschaftliche Aufgabenstellung einzuarbeiten und ein wissenschaftliches Projekt selbständig planen. Sie lernen, die dazu notwendige Fachliteratur zu studieren und können ihre Projektplanung eigenständig umsetzen. Sie sind in der Lage, die von ihnen erzielten wissenschaftlichen Erkenntnisse zusammenzustellen und in Zusammenhang mit dem Stand der Wissenschaft einordnen und interpretieren. Sie lernen, eine wissenschaftliche Arbeit zu verfassen, darin die theoretischen Grundlagen darzustellen und die Ergebnisse nachvollziehbar und verständlich aufzuschreiben, so dass ihre Arbeiten Teil einer Publikation werden können. Sie sind in der Lage, ihre wissenschaftlichen Erkenntnisse vorzutragen und zu, z. B. vor einem eigenen Poster auf einer wissenschaftlichen Tagung, auf Englisch oder Deutsch zu diskutieren.

Alle diese Arbeiten entsprechen der Taxonomiestufe K6 (Beurteilung) nach Bloom. Sie ist die höchste und beinhaltet alle vorhergehenden, K1 (Wissen), K2 (Verständnis), K3 (Anwendung), K4 (Analyse) und K5 (Synthese).

Teilnahmevoraussetzungen

Die Zulassung zur Masterarbeit setzt den Nachweis von 60 CP aus dem Masterstudiengang Bioinformatik voraus.

Empfohlene Voraussetzungen

Nützliche Vorkenntnisse: Die Veranstaltungen im Masterstudiengang bis einschließlich des dritten Semesters.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	M.Sc. Bioinformatik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	Jedes Semester

Dauer des Moduls	6 Monate
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Koch
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	keine
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	Masterarbeit, ein 30 minütiger Vortrag zur Arbeit im Rahmen eines Seminars
Lehr- / Lernformen	
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Seminar	S	…1	…1				1
Masterarbeit	MA	…8	…29				29
Summe		…9	30				

Wahlpflichtbereich, Module Bioinformatik

Modul-nummer	Modul	ECTS	Modulbezeichnung	Fachbereich/e
10	M-BioInf-Wahl-BI-S	5	Aktuelle Themen der Bioinformatik	12
11	M-BioInf-Wahl-Net	11	Algorithmen der bioinformatischen Netzwerkanalyse	12
12	M-BioInf-Wahl-HSP	11	Hochdurchsatzanalysen und bioinformatische Strukturvorhersagen in Pflanzen	15
13	M-BioInf-Wahl-VBS	6-12	Vertiefung biologische Systeme	15
14	M-BioInf-Wahl-Ethik	4	Ethik in den Molekularen Biowissenschaften	15
15	M-BioInf-Wahl-NumDif	6	Numerische Methoden für Differentialgleichungen und Anwendungen	15
67	M-BioInf-Wahl-AlgoEpi	6	Algorithmen der Epigenomik	16
68	M-BioInf-Wahl-AlgoSeq	6	Vertiefende Algorithmen der Sequenzanalyse	16
69	M-Bioinf-Wahl-EvolBioseqInf	11	Evolutionäre Biosequenzinformatik	15
70	M-Bioinf-Wahl-VerglGen	5	Vergleichende Genomik	12

Modul 10, Aktuelle Themen der Bioinformatik, M-BioInf-Wahl-BI-S

BI-S	Aktuelle Themen der Bioinformatik	Wahlpflichtmodul	5 CP (insg.) = 150 h		2 SWS
			Kontaktstudium 1 SWS / 30 h	Selbststudium 120 h	

Inhalte

Aktuelle Arbeiten aus Zeitschriften wie „Journal of Computational Biology“ und „Bioinformatics“.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Lernergebnisse:

Dieses Modul dient der Hinführung der Studierenden zu selbständiger wissenschaftlicher Arbeit in aktuellen Forschungsschwerpunkten im Bereich der Bioinformatik. Die Studierenden erarbeiten sich selbständig anhand einer aktuellen Publikation eine Methode, einen Algorithmus oder eine Pipeline in dem Gebiet der Bioinformatik. Sie präsentieren den Inhalt der Publikation in einem englischsprachigen Vortrag und einer englischsprachigen Diskussion. Zugleich verfassen sie ein Essay in deutscher oder englischer Sprache, in welchem sie die Publikation zusammenfassen und bewerten. Sie beteiligen sich nicht nur im Rahmen ihres Vortrags an der Diskussion, sondern sind Opponentin oder Opponent bei einem anderen Seminarvortrag, stellen zu jedem anderen Vortrag mindestens einer Frage und agieren einmal als Moderator.

Kompetenzziele:

Die Studentinnen und Studenten können sich aktuelle Publikationen einer Methode, eines Algorithmus‘ oder einer Pipeline in dem Gebiet der Bioinformatik selbständig erarbeiten, bewerten und darüber in einem Seminar auf Englisch referieren. Sie sind in der Lage, als Opponentin oder Opponent an einer wissenschaftlichen Diskussion teilzunehmen, zu jedem Vortrag mindestens eine Frage zu stellen und als Moderatorin oder Moderator eine wissenschaftliche Veranstaltung zu leiten. Sie sind in der Lage, ein kurzes Essay zum Inhalt der Publikation zu verfassen und ihre Meinung darzulegen. Dazu wenden sie selbständig ihre Kenntnisse im wissenschaftlichen Vortragen und wissenschaftlichen Schreiben an. Das entspricht der Taxonomiestufe K6 (Beurteilung) nach Bloom. Sie ist die höchste und beinhaltet alle vorhergehenden, K1 (Wissen), K2 (Verständnis), K3 (Anwendung), K4 (Analyse) und K5 (Synthese).

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Kenntnisse aus der Veranstaltung Modelle und Algorithmen der Bioinformatik.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	Master Bioinformatik
Häufigkeit des Angebots	jährlich im WS
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ina Koch
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	

Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Seminar
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	Form / Dauer / ggf. Inhalt
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Schriftliche Ausarbeitung und Vortrag.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Aktuelle Themen der Bioinformatik	S	2	5	5			
			…				
Modulprüfung			…				
Summe			…	5			

Modul 11, Algorithmen der bioinformatischen Netzwerkanalyse, M-BioInf-Wahl-Net

Net	Algorithmen der bioinformatischen Netzwerkanalyse	Wahlpflichtmodul	11 CP (insg.) = 330 h		6 SWS
			Kontaktstudium 6 SWS / 165 h	Selbststudium 165 h	

Inhalte

In einen Blockpraktikum werden aktuelle Entwicklungen von Algorithmus im Bereich Lifescience erarbeitet. Der Anwendungsschwerpunkt ist die Analyse von biologischen Netzwerken. Die Teilnehmer erarbeiten relevante theoretische Grundlagen in den Gebieten Petri Netze, diskrete Geometrie, stochastische Dynamik, Kontrolltheorie, geometrische Graphen, Bildverarbeitung und Komplexität. Die theoretischen Grundlagen werden zur Beurteilung von Algorithmen in der Bioinformatik mit Anwendungen auf metabolische Modellen, Signalwege und Gewebeschnitte in der digitalen Pathologie genutzt. Themen sind insbesondere die Berechnung von Transition-Invarianten (TI), Überdeckung mit TI (Farkas- Lemma), Erreichbarkeit, Lebendigkeit, Manatee-Invarianten, Treiberknoten und Mustersuche. Die Teilnehmer implementieren gängige oder selbst entwickelte alternativen Algorithmen. Das Laufzeitverhalten der Implementierungen wird anhand von Netzwerke und Fragestellungen der aktuellen Forschung getestet. Der Einfluss der genutzten Computersprache und einer hardwarenahen Programmierung auf die Laufzeitwird wird untersucht. Parallelisierung, FPGA und der Informationsverarbeitung in biologischen Systemen (DNA Computing, Immunsystem) werden als Möglichkeiten des Green Computing diskutiert.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Die Teilnehmer werden an die gemeinsame Bearbeitung einer wissenschaftlichen Fragestellung in einer Forschungsgruppe herangeführt. Dabei werden sie lernen die bioinformatische Kompetenz in Bezug auf die theoretische Grundlagen und die algorithmischen Implementierung zu vertreten. Konsequenzen und Vorteile von Synergie, sozialen Verhaltensweisen, Kooperation, Spezialisierung, wissenschaftlicher Ethik und Grundsätze in einer interdisziplinären Arbeitsgruppe sollen praktisch erlebt und verdeutlicht werden. Erste Schritte in Richtung eigenständiger Forschung sollen durch die selbstständige abstrakte Formulierung einer Fragestellung aus den Biowissenschaften und/oder der Medizin erprobt werden. Die Abstraktion soll eine algorithmische Behandlung ermöglichen. Die Kommunikationsfähigkeiten der Teilnehmer innerhalb einer Gruppe mit heterogenen Fachsprachen und die wissenschaftlichen Motivation soll gestärkt werden. Das Erleben des Spannungsfeldes einer klaren Zielsetzung, der Verwertung, Aufbereitung und Nutzbarmachung von Ergebnissen innerhalb ergebnisoffener Forschung soll das Bewusstsein der Notwendigkeit eigener zukünftiger flexibler Projektplanung schaffen.

Vermittlung wissenschaftlichen Arbeitens.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	M.Sc. Bioinformatik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	SoSe und WiSe
Dauer des Moduls	8 Wochen
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Dr. Jörg Ackermann

Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Regelmäßige Teilnahme am Praktikum und Seminar
Leistungsnachweise	Vortrag
Lehr- / Lernformen	Praktikum und Seminar
Unterrichts- / Prüfungssprache	
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Vortrag 30 Minuten und schriftlicher Schlussbericht
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester (CP)			
				1	2	3	4
Praktikum	Praktikum	4	8			8	
Seminar	Seminar	1	1			1	
Modulprüfung	Vortrag	1	2			2	
Summe		6	11			11	

Modul 12, Hochdurchsatzanalysen und bioinformatische Strukturvorhersagen in Pflanzen, M-BioInf-Wahl-HSP

HSP	Hochdurchsatzanalysen und bioinformatische Strukturvorhersagen in Pflanzen	Wahlpflichtmodul	11 CP (insg.) = 330 h		6 SWS
			Kontaktstudium 6 SWS / 165 h	Selbststudium 165 h	

Inhalte

Es sollen aktuelle Forschungsthemen des Arbeitskreises Molekulare Zellbiologie der Pflanzen bearbeitet werden. Das beinhaltet die Implementierungen von Algorithmen für die Analyse von Hochdurchsatz-Datensätzen. Darüber hinaus werden Graphical User Interfaces (GUI) und Datenbanken implementiert um Informationen aus -Omics Datensätzen zu visualisieren und zu verwalten. Zu -Omics Datensätzen zählen Proteomics, Transcriptomics und anderen –Omics Anwendungen. Darauf aufbauende Ansätze dienen der Analyse von evolutionären Zusammenhängen und Konservierung bestimmter Gen Familien innerhalb der Viridiplantae und Cyanobakterien. Außerdem werden differentielle Expressionsanalysen und Protein-RNA Interaktionen analysiert. Diese Ergebnisse sollen biologisch analysiert und in den biologischen Kontext gesetzt werden.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Das Praktikum dient der Vertiefung von theoretischem Wissen und dem Erlernen eigenständiger wissenschaftlicher Arbeit mit engem Bezug zu aktuellen Forschungsthemen. Hierbei wird vorrangig auf Organismen fokussiert, welche Photosynthese betreiben.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Bei Studierenden anderer Masterstudiengänge müssen vorher mindestens 15 CP erbracht sein.

Erfolgreicher Abschluss des Moduls M-ASA (Algorithmen der Sequenzanalyse).

Empfohlene Voraussetzungen

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	SoSe und WiSe
Dauer des Moduls	
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Enrico Schleiff
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	Teilnahmenachweise: Praktikumsprotokoll und ein Seminarvortrag zu den Ergebnissen des eigenen Themas und aktueller Literatur. Regelmäßige Teilnahme
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Seminar mit Blockpraktikum. Unterrichtssprache (i.d.R.) Deutsch oder Englisch.

Unterrichts- / Prüfungssprache	
Modulprüfung **Modulabschlussprüfung bestehend aus:**	**Form / Dauer / ggf. Inhalt** Leistungsnachweise: Benotung erfolgt durch Seminarvortrag und Praktikumsprotokoll. Prüfungsvorleistung: keine.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester (CP)			
				1	2	3	4
Praktikum	Praktikum	4	8			8	
Seminar	Seminar	1	1			1	
Modulprüfung	Vortrag	1	2			2	
Summe		6	11			11	

Modul 13, Vertiefung biologische Systeme, M-BioInf-Wahl-VBS

Das Modul „Vertiefung biologische Systeme“ erlaubt Vorlesungen aus den Modulen MSc-Molbio-3 bis MSc-Molbio-10 des Masterstudiengangs „Molekulare Biowissenschaften“ und Vorlesungen aus Wahlpflichtmodulen des Masterstudiengangs „Ökologie und Evolution“ des Fachbereichs Biowissenschaften zu belegen. Ist die Vorlesung Teil-Veranstaltung eines umfangreicheren Moduls muss die Vorlesung separat und benotet prüfbar sein. Es gilt die Prüfungsordnung des Studienganges aus dem die Vorlesung in abgeänderter Form abgeändert importiert wird (Herkunftsordnung). Es gelten die relevanten Beschreibungen der Herkunftsordnung. Der Modulbeauftragte, der in der Herkunftsordnung festgelegt ist, kann die Teilnahme von Studenten des Masterstudienganges Bioinformatik an der Veranstaltung beschränken, an spezifische Teilnahmevoraussetzungen knüpfen und/oder verweigern. Vorlesungen können nur einmal angerechnet werden. Zwei in großen Teilen inhaltsgleiche Vorlesungen können nicht angerechnet werden. Die Entscheidung über Anrechenbarkeit einer Vorlesung und einer gegeben falls gegebenen Inhaltsgleichheit trifft der Modulverantwortliche des Modul „Vertiefung biologische Systeme 1“ (Koch).

VBS	**Vertiefung biologische Systeme** **Wahlpflicht** **3 - 12 CP**
	Dieses Modul wird durch die erfolgreich bestandenen Prüfungen einer Auswahl von Veranstaltung im Gesamtumfang von minimal 3 CP bis maximal 12 CP abgeschlossen. Anrechenbar sindVorlesungen aus den Modulen MSc-Molbio-3 bis MSc-Molbio-10 des Masterstudiengangs „Molekulare Biowissenschaften“ und Vorlesungen aus Wahlpflichtmodulen des Masterstudiengangs „Ökologie und Evolution“. Die Abschlussnote des Moduls ist der CP-gewichtete Mittelwert der Einzelnoten.
Modulbeauftragte: Ina Koch (FB 12)	

Modul 14, Ethik in den Molekularen Biowissenschaften, M-BioInf-Wahl-Ethik

Ethik Ethik in den Molekularen Biowissenschaften	**Wahlpflichtmodul**	**4 CP**
1. Inhalte:		
Diskussion über aktuelle Themengebiete mit Gen-ethischem Bezug, z.B. grüne, weiße und rote Gentechnik, DNA-Fingerabdrücke, genetisches Massenscreening, persönliche Medizin, Präimplantationsdiagnostik, „High-Throughput Sequencing“ und gesellschaftliche Auswirkung, 5000 Genomprojekt, somatische Gentherapie und Keimbahntherapie. Auswahl der Themen nach Interesse der Teilnehmer.		
2. Lernergebnisse/Kompetenzziele:		
Die Teilnehmer erlangen ein Bewusstsein für die ethischen Aspekte der molekularen Biowissenschaften. Die Teilnehmer lernen sich mit den gesamtgesellschaftlichen Auswirkungen neuer biologischer und medizinischer Techniken auseinander zu setzen, diese zu diskutieren und eine persönliche Position zu entwickeln. .		
3. Teilnahmevoraussetzungen:		
Die Anzahl der Studenten der Bioinformatik an der Lehrveranstaltung kann durch den Modulverantwortlichen beschränkt werden. Das Auswahlverfahren bestimmt der Modulverantwortliche.		
4. [Mögl.] Lehr- und Lernformen:		
Seminar		
5. Studiennachweise:		
Teilnahmenachweise: regelmäßige Teilnahme		
Leistungsnachweise:		
Prüfungsvorleistungen:.		
6. Modulprüfung:	Form/Dauer	
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Keine.	

Modul 15: Grundlagen der Theoretischen Biologie II - Mathematische Modellierung, M-BioInf-Wahl- TheoBio2

TheoBio2	**Grundlagen der Theoretischen Biologie II - Mathematische Modellierung**	**Wahlpflichtmodul**	**3 CP (insg.) = 90 h**		**4 SWS**
			Kontaktstudium	**Selbststudium**	
			2 SWS / 45 h	**45 h**	

Inhalte

Der Kurs gibt eine Einführung in grundlegende Modellierungsansätze biologischer Systeme auf Basis von Differentialgleichungen. Ziel hierbei ist das Verständnis, wie biologische Systeme prozessorientiert beschrieben, und mit Hilfe analytischer und rechnergestützter Methoden analysiert werden können. Der Kurs wiederholt mathematische Grundlagen und behandelt Iterierte Abbildungen, nichtlineare Differentialgleichungen und Systeme von Differentialgleichungen, Trajektorie, Phasenraum, Fixpunkte & Stabilität, partielle Differentialgleichungen. Auf Basis dieser mathematischen Grundlagen werden Modellierungskonzepte auf Anwendungen in den Biowissenschaften übertragen, klassische Ansätze besprochen und konkrete Modelle analysiert. Beispiele sind Populationsdynamiken, Interaktion von Populationen, Epidemien, Diffusion, Reaktions-Diffusions-Systeme, Traveling Waves und Musterbildung.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Die Studierenden haben umfangreiche Kenntnisse über numerische Verfahren zur Lösung von Differentialgleichungen und Differentialgleichungssystemen und kennen klassische Modellierungsansätze zur Beschreibung biologischer Systeme. Vertiefte Kenntnisse der Programmierung in Matlab werden in Computerübungen zur Implementierung der verschiedenen Verfahren erworben.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Gute mathematische Grundkenntnisse und gute Programmiergrundkenntnisse, gute Kenntnisse der linearen Algebra

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	M.Sc. Bioinformatik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	Jährlich im Wintersemester
Dauer des Moduls	1 Semester
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Franziska Matthäus
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Vorlesung + Übung
Unterrichts- / Prüfungssprache	Englisch oder Deutsch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**

• **Modulabschlussprüfung bestehend aus:**	Je nach Anzahl der Studierenden eine mündliche Prüfung oder eine 90-minütige Klausur

		LV-Form	SWS	CP	Semester			
					1	2	3	4
	Grundlagen der Theoretischen Biologie II - Mathematische Modellierung	Vorlesung	1	2	2			
	Grundlagen der Theoretischen Biologie II - Mathematische Modellierung	Übung	1	1	1			
	Modulprüfung							
	Summe		4	3	3			

Modul 67, Algorithmen der Epigenomik, M-BioInf-Wahl-AlgoEpi

AlgoEpi	Algorithmen der Epigenomik/ Computational Epigenomics	Wahlpflichtmodul	6 CP (insg.) = 180 h		4 SWS
			Kontaktstudium 2 SWS / 60 h	Selbststudium 120 h	

Inhalte

- Grundlagen der Epigenetik und deren Effekt auf Genregulation: DNA Methylierung, Posttranskriptionale Modifikationen von Histoneproteinen, Enhancerregulation
- Einführung bekannter epigenomischer Assays: ChIP-seq, Bisulfite-seq, RRBS, Dnase1-seq, ATAC-seq, Hi-C, etc.
- Statistische Verfahren für epigenomische Analysen: Peak caller, Chromatin state segmentation
- Algorithmen und statistische Verfahren für integrative, epigenomische Analysen: DNA Methylierung, Open-chromatin, Genexpression

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Dieses Modul dient der Hinführung der Studentinnen und Studenten zu selbstständiger wissenschaftlicher Arbeit in den an der Goethe-Universität Frankfurt am Main vertretenen Forschungsschwerpunkten im Bereich der Bioinformatik. Das Modul repräsentiert den aktuellen Stand der Forschung im Gebiet der Epigenomik. Es wird die Kenntnis der grundlegenden Algorithmen und Methoden der Epigenomik und die Fähigkeit, diese einzuschätzen und anzuwenden, vermittelt. Die Studentinnen und Studenten erwerben vertiefende Kenntnisse des Forschungsgebietes. Sie lernen die dazu gehörenden Algorithmen sowohl von der Theorie als auch von der Anwendung her, kennen. Sie entwickeln die Fähigkeiten Verfahren zu beurteilen und differenziert anzuwenden ja nach Datenlage.

Kompetenzziele:

Die Studentinnen und Studenten können die Algorithmen der Epigenomik, die sie zur Lösung ihrer Aufgabenstellung benötigen, selbständig auswählen, sowohl von der Theorie als auch von der Anwendung her. Sie sind in der Lage wissenschaftliche Methoden zu erweitern oder neu zu kombinieren, denn sie haben die Grundlagen und Vorrausetzungen verstanden. Sie sind in der Lage Ergebnisse qualifiziert auf neuen Daten auszuwerten.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	M. Sc. Informatik FB 12; M.Sc. Zellulärer und Molekularer Biochemie FB 14; Molekulare Medizin FB 14
Häufigkeit des Angebots	jährlich im SS
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Marcel Schulz
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	

Lehr- / Lernformen	Vorlesung mit Übungen
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Je nach Anzahl der Studierenden eine mündliche Prüfung oder eine 180-minütige Klausur
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Algorithmen der Epigenomik	V	3					
Algorithmen der Epigenomik	Ü	1					
Modulprüfung							
Summe		4					

Modul 68, Vertiefende Algorithmen der Sequenzanalyse, M-BioInf-Wahl-AlgoSeq

AlgoSeq	Vertiefende Algorithmen der Sequenzanalyse/ Advanced Algorithms for Sequence Analysis	Wahlpflichtmodul	6 CP (insg.) = 180 h		4 SWS
			Kontaktstudium 2 SWS / 60 h	Selbststudium 120 h	

Inhalte

Im Zuge der technologischen Entwicklung von Sequenziermaschinen, steigt die Größe und Komplexität der Sequenzdaten rapide an. In dieser Vorlesung werden die algorithmischen Kenntnisse vermittelt um sehr grosse Sequenzdatensätzen zu analysieren.

- Konstruktion und Anwendung von modernen Datenstrukturen für schnelles Stringmatching: Enhanced Suffix Arrays, FM-Index
- Bitvektorbasierte Verfahren für schnelle Sequenzvergleiche
- Assymmetrisches Alignmentproblem (Bisulfit-Read Matching)
- Bitvektorbasierte Datenstrukturen für effiziente Repräsentation von großen Genomdaten
- Datenstrukturen für Pan-Genome

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Dieses Modul dient der Hinführung der Studentinnen und Studenten zu selbstständiger wissenschaftlicher Arbeit in den an der Goethe-Universität Frankfurt am Main vertretenen Forschungsschwerpunkten im Bereich der Bioinformatik. Das Modul repräsentiert einen vertiefenden algorithmischen Einblick in den aktuellen Stand der Forschung im Gebiet der Sequenzanalyse. Es wird die Kenntnis der erweiterten Algorithmen der Sequenzanalyse und die Fähigkeit, diese einzuschätzen und anzuwenden, vermittelt.

Kompetenzziele:

Die Studentinnen und Studenten können die verschiedenen Algorithmen der Sequenzanalyse, die sie zur Lösung ihrer Aufgabenstellung benötigen, selbständig auswählen, sowohl von der Theorie als auch von der Anwendung her. Sie sind in der Lage komplexe Algorithmen selbst zu programmieren. Die Studentinnen und Studenten können die Komplexität der Algorithmen bewerten und verschiedene Verfahren vergleichen. Sie sind in der Lage Algorithmen zu erweitern oder neu zu kombinieren.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine.

Empfohlene Voraussetzungen

Besuch der Veranstaltung Algorithmen der Sequenzanalyse.

Grundlegende Programmierkenntnisse in einer relevanten Sprache (C, C++, Python, Java) werden vorausgesetzt.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik / FB Informatik und Mathematik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	M. Sc. Informatik FB 12;
Häufigkeit des Angebots	jährlich im WS
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Marcel Schulz
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	

Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Vorlesung mit Übungen
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Je nach Anzahl der Studierenden eine mündliche Prüfung oder eine 180-minütige Klausur
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	

Modul 69, Evolutionäre Biosequenzinformatik, M-BioInf-Wahl- EvoBioseqInf

EvoBioseqInf	Evolutionäre Biosequenzin-formatik	Wahlpflicht-modul	11 CP (insg.) = 330 h		6 SWS
			Kon-taktstudium 6 SWS / 165 h	Selbststudium 165 h	

Inhalte

Die Analyse biologischer Sequenzen vor einem evolutionären und funktionellen Hintergrund stellt eine tragende Säule in den Lebenswissenschaften dar. Eine der wesentlichen Herausforderungen besteht hierbei in der Extraktion der relevanten Information aus den Genomsequenzen einzelner Organismen und deren Integration in einen evolutionären und funktionellen Kontext über die taxonomische Breite hinweg. In diesem Modul werden die Studierenden durch praktisches Arbeiten mit den wesentlichen theoretischen und angewandten Konzepte auf dem Weg von der biologischen Sequenz, über die Abschätzung ihrer Funktion bis hin zu deren Veränderung über evolutionäre Zeiträume hinweg vertraut gemacht. Anhand aktueller Forschungsthemen werden unterschiedliche Ausprägungsschwerpunkte verfolgt. Darunter fällt die Entwicklung und Implementierung neuer oder die Erweiterung bestehender Algorithmen zur Analyse oder Visualisierung Genom-weiter Sequenzdaten, die Erstellung und Analyse phylogenomischer Datensets, die Erstellung und Interpretation von phylogenetischen Profilen mit einer Auflösung vom Sub-Domänen-Level bis hin zu funktionell integrierten Genclustern reicht, sowie der Einsatz von maschinellen Lernmethoden in der Biosequenz-Analyse.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Das Modul dient dazu theoretische und angewandte Aspekte der bioinformatischen Analyse biologischer Sequenzen zu vertiefen und die Studierenden durch eine Projektarbeit an das wissenschaftliche Arbeiten in einem Forscherteam heranzuführen. Die Web-basierte Projektdokumentation mittels eines WIKIs spielt hier eine wesentliche Rolle. Die Studierenden erlernen das Arbeiten über mehrere Skalen hinweg sowohl was die taxonomische Diversität als auch was die Auflösung auf Sequenz-Ebene betrifft und werden in die Lage versetzt die evolutionären Charakteristika einer Sequenz mit ihrer Funktion in den jeweiligen Organismen in ein schlüssiges Gesamtbild zu integrieren. Sie erkennen methodische Lücken in dem Portfolio bestehender Software das zur Lösung einer Aufgabe zur Verfügung steht und erarbeiten und implementieren neue algorithmische Ansätze zu deren Schließung.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Erfolgreicher Abschluss des Moduls M-ASA (Algorithmen der Sequenzanalyse).

Empfohlene Voraussetzungen

Keine

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	SoSe und WiSe
Dauer des Moduls	8 Wochen
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Ingo Ebersberger
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Praktikumsprotokoll und ein Seminarvortrag zu den Ergebnissen des eigenen Themas und aktueller Literatur. Regelmäßige Teilnahme.

Leistungsnachweise	Vortrag
Lehr- / Lernformen	Praktikum und Seminar
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Benotung erfolgt durch Seminarvortrag und Praktikumsprotokoll.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester (CP)			
				1	2	3	4
Praktikum	Praktikum	4	8			8	
Seminar	Seminar	1	1			1	
Modulprüfung	Vortrag	1	2			2	
Summe		11				11	

Modul 70, Vergleichende Genomik, M-BioInf-Wahl- VerglGen

VerglGen		Wahlpflicht-modul	5 CP (insg.) = 150 h		4 SWS
			Kontakt-studium 4 SWS / 75 h	Selbststudium 75 h	

Inhalte

Das Modul vermittelt Grundlagen der Genomik und der vergleichenden Genomanalyse. Themenbereiche sind der Aufbau und Struktur eukaryotischer Genome, moderne long-read basierte Sequenzier- und Assemblierungsmethoden, Annotation von Genen mit Hilfe von Hidden Markov Modell-, Transkriptome- und Homologiebasierten Ansätzen, Genomalignments, sowie die Bedeutung von evolutionärer Konservierung für die Erkennung funktionaler Genomelemente. Weiterhin werden aktuelle Themen aus der Anwendung von vergleichender Genomik auf Fragestellungen in der medizinischen und evolutionären Forschung behandelt, wie z.B. die Priorisierung von krankheitsassoziierten Mutationen und die genetische Grundlagen phänotypischer Vielfalt.

Lernergebnisse / Kompetenzziele

Nach Abschluss dieses Moduls haben die Studierenden sowohl theoretisches und algorithmisches Wissen als auch praktische Kenntnisse in der Anwendung moderner Bioinformatik Methoden in Bereich der vergleichenden Genomik. Sie sind in der Lage, geeignete Methoden auszuwählen, um genomische Daten zu annotieren, zu vergleichen und funktionale Genomregionen zu detektieren. Die Studierenden erlernen wie genomische Alignments und Annotationen in einem Genom Browser visualisiert und interpretiert werden, wie methodische oder daten-basierte Artefakte erkannt werden können, und wie man aus genomischen Daten Schlüsse ziehen kann, die Relevanz für die Biowissenschaften haben. Weiterhin vertieft das Modul die Kenntnis von Linux und wichtiger Kommandozeilenbefehle.

Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls

Keine

Empfohlene Voraussetzungen

Keine

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	Master Bioinformatik
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	jährlich im WiSe oder SoSe
Dauer des Moduls	einsemestrig
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Dr. Michael Hiller
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	
Leistungsnachweise	
Lehr- / Lernformen	Vorlesung mit Übung
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**

Modulabschlussprüfung bestehend aus:	Je nach Anzahl der Studierenden eine mündliche Prüfung oder eine 120-minütige Klausur.
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester (CP)			
				1	2	3	4
Vorlesung	Vorlesung	2	3			3	
Übung	Übung	2	2			2	
Summe		4	5			5	

Wahlpflichtbereich, Importmodule Medizin

Modul-num-mer	Modul	ECTS	Modulbezeichnung	Fachbereich/e
16	M-BioInf-Wahl-MOT	6	Molekulare Onkologie und Tumorimmunologie	16
17	M-BioInf-Wahl-MAF	6	Molekulare Arzneimittelforschung	16

Modul 16, Molekulare Onkologie und Tumorimmunologie, M-BioInf-Wahl-MOT

Das aufgeführte Importmodul wird aus dem Modulhandbuch des Masterstudienganges Molekulare Medizin übernommen. Es gelten die Beschreibungen der Module im aktuellen Modulhandbuch des Masterstudienganges Molekulare Medizin. Die folgenden Beschreibungen dienen lediglich der Orientierung. Für die Importmodule gilt die Prüfungsordnung des Masterstudienganges Molekulare Medizin in der neuesten, gültigen Version. Die Anzahl teilnehmender Bioinformatiker ist auf 8 Studierenden pro Semester beschränkt (abgeändertes Importmodul).

MOT	**Molekulare Onkologie und Tumorimmunologie**	**Wahlpflichtmodul**	**6 CP (insg.) = 90 h**		**6 SWS**
			Kontaktstudium **2 SWS / 36 h**	**Selbststudium** **4 SWS / 72 h**	

Inhalte
Das Modul besteht aus einer Vorlesung mit abschließender Klausur. Schwerpunkte der Vorlesung sind: Molekulare und zellbiologische Mechanismen der Entstehung und des Wachstums von Tumoren; Onkogene; Tumorsuppressorgene; Tumorgenetik; Tumormetabolismus; Tumorumgebung; Tumormarker; Tumorimmunüberwachung; molekulare Ansatzpunkte von Tumortherapien; moderne Tumortherapeutika (Kinaseinhibitoren; Biologicals); Tumorimmuntherapie. Vorangestellt sind einführende Vorlesungen zur Immunologie sowie zu genetischen, biochemischen und zellbiologischen Prozessen, deren Störung bei der Tumorgenese von Relevanz ist.
Lernergebnisse / Kompetenzziele
Die Studierenden kennen molekulare Mechanismen der Krebsentstehung und moderne, molekular ausgerichtete Ansätze zur Tumortherapie.
Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls
Keine. Zulassungsbeschränkung von 8 Studierenden pro Semester.
Empfohlene Voraussetzungen
Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	M.Sc. Molekulare Medizin / FB 16
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	jedes Wintersemester
Dauer des Moduls	1 Semester
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Alexander Steinle
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Keine.
Leistungsnachweise	Keine.
Lehr- / Lernformen	Vorlesung.
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder englisch
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	120-minütige Abschlussklausur zur Vorlesung
kumulative Modulprüfung bestehend aus:	

Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Vorlesung	Vorlesung	4	6	X			
Modulprüfung	Klausur			X			
Summe		4	6				

Modul 17, Molekulare Arzneimittelforschung, M-BioInf-Wahl-MAF

Das aufgeführte Importmodul wird aus dem Modulhandbuch des Masterstudienganges Molekulare Medizin übernommen. Es gelten die Beschreibungen der Module im aktuellen Modulhandbuch des Masterstudienganges Molekulare Medizin. Die folgenden Beschreibungen dienen lediglich der Orientierung. Für die Importmodule gilt die Prüfungsordnung des Masterstudienganges Molekulare Medizin in der neuesten, gültigen Version. Die Anzahl teilnehmender Bioinformatiker ist auf 8 Studierenden pro Semester beschränkt (abgeändertes Importmodul).

MAF	**Molekulare Arzneimittelforschung**	**Wahlpflichtmodul**	**6 CP (insg.) = 90 h**		**6 SWS**
			Kontaktstudium **1,5 SWS / 27 h**	**Selbststudium** **4,5 SWS / 81 h**	

Inhalte
Allgemeine und Spezielle Pharmakologie: Arzneimittelentwicklung, Pharmakokinetik, Pharmakodynamik, pharmakologische Behandlung ausgewählter wichtiger Erkrankungen (z.B. Herz/Kreislauf, Fettstoffwechselstörungen, Diabetes, Infektionen, Rheumatoide Arthritis, Neurogenerative Erkrankungen, Autoimmunerkrankungen, Asthma/COPD, Tumorerkrankungen etc.).
Lernergebnisse / Kompetenzziele
Kenntnis pharmakologischer Behandlungen verschiedener wichtiger und häufig vorkommender Erkrankungen. Die Studierenden kennen Medikamentengruppen und ihre Wirkmechanismen im Überblick, sowie deren Nebenwirkungen, Interaktionen und Kontraindikationen. Nach Absolvierung des Praktikums beherrschen die Studierenden wichtige Prinzipien der allgemeinen, speziellen und molekularen Pharmakotherapie.
Teilnahmevoraussetzungen für Modul bzw. für einzelne Lehrveranstaltungen des Moduls
Abschluss eines Moduls „Physiologie“ oder „Tierphysiologie“ Zulassungsbeschränkung von 8 Studierenden pro Semester
Empfohlene Voraussetzungen
Keine.

Zuordnung des Moduls (Studiengang / Fachbereich)	M.Sc. Molekulare Medizin / FB 16
Verwendbarkeit des Moduls für andere Studiengänge	
Häufigkeit des Angebots	WiSe
Dauer des Moduls	1 Semester
Modulbeauftragte / Modulbeauftragter	Prof. Heiko Mühl Prof. Ellen Niederberger
Studiennachweise/ ggf. als Prüfungsvorleistungen	
Teilnahmenachweise	Keine.
Leistungsnachweise	Keine.
Lehr- / Lernformen	Vorlesung.
Unterrichts- / Prüfungssprache	Deutsch oder Englisch.
Modulprüfung	**Form / Dauer / ggf. Inhalt**
Modulabschlussprüfung bestehend aus:	120 minütige Abschlussklausur zur Vorlesung

kumulative Modulprüfung bestehend aus:	
Bildung der Modulnote bei kumulativen Modulprüfungen:	

	LV-Form	SWS	CP	Semester			
				1	2	3	4
Vorlesung	Vorlesung	3	6	X			
Modulprüfung	Klausur			X			
Summe		3	6				

Wahlpflichtbereich, Importmodule Chemie

Die aufgeführten Importmodule stammen aus dem Masterstudiengang Chemie. Es gelten die Beschreibungen der Module im Modulhandbuch des Masterstudiengangs Chemie. Die folgenden Beschreibungen dienen lediglich der Orientierung. Für die Importmodule aus dem Masterstudiengang Chemie gilt die Prüfungsordnung des Masterstudiengangs Chemie in der aktuellen Version.

Kürzel Herkunfts-ordnung	ECTS	Modulbezeichnung	Fachbereich/e	Nr.
M.SC. Chemie	4	Molecular Modelling	14	19

Wahlpflichtbereich, Importmodule Biophysik

Die aufgeführten Importmodule werden unverändert aus dem Modulhandbuch des angegebenen Herkunftsstudiengangs übernommen. Es gelten die Beschreibungen der Module im aktuellen Modulhandbuch des angegebenen Herkunftsstudiengangs. Die folgenden Beschreibungen dienen lediglich der Orientierung. Für die Importmodule gilt die Prüfungsordnung des angegebenen Herkunftsstudiengangs in der neuesten, gültigen Version. Insbesondere finden zu Frei- und Verbesserungsversuchen die Regelungen der Prüfungsordnung des Herkunftsstudiengangs auch für die Studierenden der Masterordnung Bioinformatik Anwendung.

Kürzel Herkunfts-ordnung	ECTS	Modulbezeichnung	Fachbereich/e	Nr.
M.SC. Biophysik	3-15	Biophysik	13	20

Wahlpflichtbereich, Importmodule Biowissenschaften

Die aufgeführten Importmodule werden unverändert aus dem Modulhandbuch des angegebenen Herkunftsstudiengangs übernommen. Es gelten die Beschreibungen der Module im aktuellen Modulhandbuch des angegebenen Herkunftsstudiengangs. Die folgenden Beschreibungen dienen lediglich der Orientierung. Für die Importmodule gilt die Prüfungsordnung des angegebenen Herkunftsstudiengangs in der neuesten, gültigen Version. Insbesondere finden zu Frei- und Verbesserungsversuchen die Regelungen der Prüfungsordnung des Herkunftsstudiengangs auch für die Studierenden der Masterordnung Bioinformatik Anwendung.

Herkunftsstudiengang	Modul (Titel, Nummer)	FB	SoSe / WiSe	CP	Nr.
M.Sc. Molekulare Biowissenschaften	Molekulare Zellbiologie und Biochemie eukaryotischer Systeme, M.Sc. Molbio-10	15	SoSe	15	21
M.Sc. Molekulare Biowissenschaften	Bioinformatik Von der Sequenz zur Funktion, M.Sc. MBT WP 5	15	SoSe	15	22
M.Sc. Ökologie und Evolution	Community Ecology, Makroökologie und Naturschutz (VS), Öko-4-VS	15	SoSe	5	23
M.Sc. Ökologie und Evolution	Community Ecology, Makroökologie und Naturschutz (P), Öko-4-P	15	SoSe	10	24
M.Sc. Ökologie und Evolution	Molekulare Ökologie und Populationsgenetik (VS), Evo-4-VS	15	SoSe	5	25
M.Sc. Ökologie und Evolution	Molekulare Ökologie und Populationsgenetik (P), Evo-4-P	15	SoSe	10	26
M.Sc. Ökologie und Evolution	Molekulare Evolution und Bioinformatik (VS), Evo-5-VS	15	WiSe	5	27
M.Sc. Ökologie und Evolution	Molekulare Evolution und Bioinformatik (P), Evo-5-P	15	WiSe	10	28
M.Sc. Ökologie und Evolution	Evolutionäre Genomik der Vertebraten (VS), Evo-6-VS	15	WiSe	5	29
M.Sc. Ökologie und Evolution	Evolutionäre Genomik der Vertebraten (P), Evo-6-P	15	WiSe	10	30
M.Sc. Molekulare Biotechnologie	Chemische Biologie, M.Sc. MBT-WP7	15	SoSe	15	31

Wahlpflichtbereich, Importmodule Informatik

Module mit der Lehr/Lernform „Vorlesung“ oder „Vorlesung mit Übungen“ des Masterstudienganges Informatik können für den Wahlpflichtbereich absolviert werden. Hierbei kann jede Veranstaltung kann nur einmal eingebracht werden.

Für die Importmodule aus dem Masterstudiengang Informatik gilt die Prüfungsordnung des Masterstudiengangs Informatik in der aktuellen Version. Insbesondere finden zu Verbesserungsversuchen die Regelungen der Prüfungsordnung des Masterstudiengangs Informatik auch für die Studierenden der Masterordnung Bioinformatik Anwendung. Die Anzahl der Versuche zur Notenverbesserung ist auf maximal drei beschränkt. §40 Absatz (8) der Prüfungsordnung bleibt unberührt.