

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Fachspezifische Bestimmungen für den Studiengang Bioinformatik (M.Sc.)

vom XX. Monat 2026

Das Präsidium der Universität Hamburg hat am xx. Monat 2026 die vom Fakultätsrat der Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften am xx. Monat 2026 auf Grund von § 91 Absatz 2 Nummer 1 Hamburgisches Hochschulgesetz (HmbHG) vom 18. Juli 2001 (HmbGVBl. S. 171) in der Fassung vom 19. Februar 2025 (HmbGVBl. S. 241) beschlossenen Fachspezifischen Bestimmungen für den Studiengang Bioinformatik (M.Sc.) gemäß § 108 Absatz 1 HmbHG genehmigt.

Präambel

Diese Fachspezifischen Bestimmungen ergänzen die Regelungen der Prüfungsordnung der Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften für Studiengänge mit Abschluss „Master of Science“ (M.Sc.) vom 16. Juni 2021 in der jeweils geltenden Fassung (PO M.Sc.) und beschreiben die Module für den Studiengang Bioinformatik (M.Sc.).

I. Ergänzende Regelungen

Zu § 1:

Studienziel, Prüfungszweck, Akademischer Grad, Durchführung des Studiengangs

Zu § 1 Absatz 1:

(1) Der Studiengang Bioinformatik (M.Sc.) ist ein konsekutiver, forschungsorientierter Studiengang. Das Studium ist wie das Fach Bioinformatik interdisziplinär an der Schnittstelle zwischen den Lebenswissenschaften und der Informatik angesiedelt.

(2) Studienziel des Studiengangs Bioinformatik (M.Sc.) ist die Befähigung zu vertiefter wissenschaftlicher Arbeit innerhalb der Bioinformatik. Absolventinnen und Absolventen des Studiengangs Bioinformatik (M.Sc.) wenden vertieftes und detailliertes Fachwissen der Informatik, der Lebenswissenschaften und der

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

methodischen Bioinformatik zur Adressierung datengetriebener Fragestellungen in den Lebenswissenschaften sicher an. Sie beurteilen kritisch die Grenzen der Methoden in verschiedenen Bereichen der Bioinformatik und bewerten dabei die Effektivität und Effizienz von Algorithmen und Datenstrukturen sowie von Verfahren des Maschinellen Lernens. Sie setzen Methoden der Informatik und Bioinformatik zielgerichtet zur Entwicklung neuer bioinformatischer Verfahren ein.

Die Schwerpunkte des Studiengangs liegen in den Bereichen Genominformatik, Strukturelle Bioinformatik, Chemieinformatik oder Systembiologie. Die Absolventinnen und Absolventen eignen sich selbstständig forschungsorientiertes Fachwissen in mehreren der Schwerpunkte an, planen vertiefte wissenschaftlich-methodische Arbeiten in mindestens einem der Schwerpunkte und führen diese aus. Sie entwerfen und implementieren Software zur Analyse komplexer Daten, um z.B. die Effekte von Veränderungen im menschlichen Genom zu verstehen, die Strukturen und Interaktionen von Biomolekülen aufzuklären und die Wirkung von Arzneistoffen vorherzusagen. Die Absolventinnen und Absolventen erschließen sich neues Wissen, lösen weitgehend selbstständig komplexe bioinformatische Probleme und präsentieren sowie diskutieren den aktuellen Forschungsstand kompetent gegenüber Fachpublikum und Laien.

(3) Der Studiengang baut auf einem qualifizierenden Bachelorabschluss oder einer vergleichbaren Qualifikation auf, die in einem informatisch, naturwissenschaftlich oder medizinisch orientierten Fach erworben wurde. Ausgehend von der Grundqualifikation des ersten berufsqualifizierenden Hochschulabschlusses werden Grundkenntnisse der anderen, für die Bioinformatik relevanten Disziplinen im ersten Fachsemester vermittelt. Die interdisziplinär angelegte Ausbildung im Fach Bioinformatik hat thematische Schwerpunkte in Genominformatik, Strukturelle Bioinformatik, Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf und Computergestützte Systembiologie. Diese Schwerpunkte werden durch ein interdisziplinär angelegtes Studienangebot aus der Biologie, Chemie, Medizin und Informatik vertieft.

Zu § 1 Absatz 4:

Am Masterstudiengang Bioinformatik sind die Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften sowie die Fakultät für Medizin der Universität Hamburg beteiligt. Die Durchführung des Studiengangs erfolgt durch die Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften/Zentrum für Bioinformatik.

Zu § 4:

Studien- und Prüfungsaufbau, Module und Leistungspunkte (LP)

Zu § 4 Absatz 2 und 3:

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

(1) Detaillierte Beschreibungen der Module finden sich unter II. Modulbeschreibungen dieser Fachspezifischen Bestimmungen und im Modulhandbuch für den Studiengang Bioinformatik (M.Sc.).

(2) Studienverlauf (siehe auch Tabelle 1: Studienplan):

1. Das Studium beginnt mit einer einsemestrigen Übergangs- bzw. Angleichungsphase. Studierende mit einem ersten Hochschulabschluss, der ausreichende Bioinformatik-relevante Grundlagen enthielt, erhalten in der Übergangsphase die Möglichkeit, diese Kenntnisse zu erweitern. Studierende mit einem ersten Hochschulabschluss ohne ausreichende Bioinformatik-relevante Grundkenntnisse können diese in der Angleichungsphase erwerben. Im 1. Fachsemester werden zudem Grundlagen der Bioinformatik vermittelt. Von der Auswahlkommission Bioinformatik (M.Sc.) werden in Abstimmung mit der Vorsitzenden bzw. dem Vorsitzenden des zuständigen Prüfungsausschusses Module im Umfang von 30 Leistungspunkten als Pflichtmodule für das 1. Fachsemester festgelegt. Dabei handelt es sich um Angleichungs- und Übergangsmodule sowie Grundlagenmodule der Bioinformatik entsprechend der Übersicht unter Absatz (5). Die festgelegten Angleichungs- und Übergangsmodule haben einen Umfang von 6-18 Leistungspunkten. Die festgelegten Grundlagenmodule haben einen Umfang von 12-24 Leistungspunkten. Zusätzlich zu den in der Übersicht unter Absatz (5) genannten Angleichungs- und Übergangsmodulen können bei der Vorsitzenden bzw. dem Vorsitzenden des zuständigen Prüfungsausschusses für den Studiengang Bioinformatik geeignete Module aus dem Studiengang Informatik (M.Sc.) des Fachbereichs Informatik sowie aus den Studiengängen Chemie (M.Sc.) und Molecular Life Sciences (M.Sc.) des Fachbereichs Chemie gemäß der jeweiligen gültigen Fachspezifischen Bestimmungen beantragt werden. Die Vorsitzende bzw. der Vorsitzende des zuständigen Prüfungsausschusses entscheidet darüber, ob die Module geeignet sind.
2. Im weiteren Studienverlauf werden Bioinformatikinhalte forschungsorientiert, im interdisziplinären Kontext vermittelt. Diese Phase umfasst Vertiefungs- und Schwerpunktmodule im Bereich Bioinformatik im Umfang von 30 Leistungspunkten (siehe Übersicht unter Absatz (5), Vertiefung Bioinformatik und Schwerpunktmodule der Bioinformatik). Hinzu kommen Wahlpflichtmodule im Umfang von mindestens 21 Leistungspunkten und maximal 24 Leistungspunkten, die ausgewählt werden können. Hierbei müssen Wahlpflichtmodule im Umfang von mindestens 6 Leistungspunkten aus dem Bereich der Lebenswissenschaften und mindestens 6 Leistungspunkten aus dem Bereich der Informatik absolviert werden (siehe Übersicht unter Absatz (5), Wahlpflicht

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Lebenswissenschaften und Wahlpflicht Informatik). Grundlagen- und Vertiefungsmodule der Bioinformatik, die nicht bereits gewählt wurden, können neben weiteren Modulen im Bereich Wahlpflicht Bioinformatik (siehe Übersicht unter Absatz (5), Wahlpflicht Bioinformatik) gewählt werden.

3. Im Freien Wahlbereich kann im Umfang von mindestens 6 Leistungspunkten und maximal 9 Leistungspunkten aus dem für den Freien Wahlbereich und Crossdisciplinary Learning von den anbietenden Fächern geöffneten Lehrangebot der Universität Hamburg ausgewählt werden. Die Summe der Leistungspunkte aus den Wahlpflichtbereichen (21-24 Leistungspunkte) und dem Freien Wahlbereich (6-9 Leistungspunkte) muss 30 Leistungspunkte betragen. Der zuständige Prüfungsausschuss kann Empfehlungen für den Freien Wahlbereich aussprechen.
 4. Das 4. Fachsemester besteht aus dem Abschlussmodul (Masterarbeit und Kolloquium) im Umfang von 30 Leistungspunkten (siehe unter II. Modulbeschreibungen II, MBI-MA).
- (3) Über eine Anerkennung von Prüfungsleistungen aus einem vorangegangenen Bachelorstudium oder einem vergleichbaren Masterstudium entscheidet der Prüfungsausschuss im Einzelfall. Dabei berücksichtigt er insbesondere die Passfähigkeit zu den Qualifikationszielen des Masterstudiums.
- (4) Die Wahlpflichtmodule dienen der Schwerpunktbildung, wobei die Wahl- und Wahlpflichtmodule insgesamt 30 Leistungspunkte umfassen. Die Studierenden stellen am Ende des ersten Fachsemesters einen individuellen Studienplan auf, der die Module der Bereiche Vertiefung Bioinformatik, Schwerpunkt Bioinformatik, Wahlpflicht Lebenswissenschaften, Wahlpflicht Informatik, Wahlpflicht Bioinformatik und den Freien Wahlbereich umfasst. Der Studienplan ist von der Vorsitzenden bzw. dem Vorsitzenden des zuständigen Prüfungsausschusses unter Vorbehalt des Lehrangebots zu genehmigen, wobei der Freie Wahlbereich nicht berücksichtigt wird. Studierende mit einem ersten Hochschulabschluss in einem informatischen Fach können auf Antrag für den Studiengang Bioinformatik geeignete Module aus dem Lehrangebot der Bachelorstudiengänge Biologie, Chemie oder Biochemie und Molekularbiologie der Universität Hamburg gemäß der jeweils gültigen Fachspezifischen Bestimmungen belegen. Studierende mit einem ersten Hochschulabschluss in einem lebenswissenschaftlichen Fach können auf Antrag für den Studiengang Bioinformatik geeignete Module aus dem Lehrangebot des Bachelorstudiengangs Informatik des Fachbereichs Informatik der Universität Hamburg gemäß der jeweils gültigen Fachspezifischen Bestimmungen belegen. Die Vorsitzende bzw. der Vorsitzende des zuständigen Prüfungsausschusses entscheidet darüber, ob die Module geeignet sind.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Tabelle 1: Studienplan Bioinformatik (M.Sc.)

Semester	Module (Leistungspunkte)
1. FS	1) Angleichung/Übergang (6–18 LP) 2) Grundlagen Bioinformatik (12–24 LP): a) Sequenzanalyse b) Strukturanalyse c) Chemieinformatik d) Systembiologie
2. FS	3) Vertiefung Bioinformatik (18 LP, 3 aus 4 Modulen): a) Genominformatik c) Struktur und Simulation d) Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf e) Computergestützte Systembiologie 4) Wahlpflichtbereich (12 LP): a) Wahlpflicht Informatik b) Wahlpflicht Lebenswissenschaften c) Wahlpflicht Bioinformatik
3. FS	5) Schwerpunkt Bioinformatik: Seminar GIK/BM/ CIW/CSB (3 LP) 6) Schwerpunkt Bioinformatik: Projekt GIK/BM/ CIW/CSB (9 LP) 7) Wahlpflichtbereich (9–12 LP): a) Wahlpflicht Informatik b) Wahlpflicht Lebenswissenschaften c) Wahlpflicht Bioinformatik 8) Wahlbereich (6–9 LP)
4. FS	9) Abschlussmodul (Masterarbeit und Kolloquium, 30 LP)

- (5) Die folgende Übersicht gibt die Verwendungsoptionen der Module im Studiengang Bioinformatik (M.Sc.) sowie den Umfang und das empfohlene Fachsemester an. Die vollständigen Beschreibungen finden sich unter II. Modulbeschreibungen.

Sigle	LP	Verwendung	Semester
InfB-PfN1	6	Angleichungs-/Übergangsmodule	1
InfB-AD	6	Angleichungs-/Übergangsmodule	1
InfM-ALG	9	Angleichungs-/Übergangsmodule	1
CHE 008	3	Angleichungs-/Übergangsmodule	1
CHE 080 A	6	Angleichungs-/Übergangsmodule	1
CHE 356	3	Angleichungs-/Übergangsmodule	1
MBI-GCI	6	Grundlagenmodule Bioinformatik	1
MBI-GSA	6	Grundlagenmodule Bioinformatik	1
MBI-GSB	6	Grundlagenmodule Bioinformatik	1
MBI-GST	6	Grundlagenmodule Bioinformatik	1
MBI-CIW	6	Vertiefung Bioinformatik	2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Sigle	LP	Verwendung	Semester
MBI-CSB	6	Vertiefung Bioinformatik	2
MBI-GIK	6	Vertiefung Bioinformatik	2
MBI-SUS	6	Vertiefung Bioinformatik	2
MBI-HTE	6	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	2
CHE 143	6	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	2
CHE 163 A	3	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	2
CHE 466	3	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	2
InfM-DIS	9	Wahlpflicht Informatik	2
InfM-ML	9	Wahlpflicht Informatik	2
InfM-NN	6	Wahlpflicht Informatik	2
MBI-BIA	6	Wahlpflicht Bioinformatik	2
MBI-BICX	3	Wahlpflicht Bioinformatik	2
MBI-CIW	6	Wahlpflicht Bioinformatik	2
MBI-CSB	6	Wahlpflicht Bioinformatik	2
MBI-GIK	6	Wahlpflicht Bioinformatik	2
MBI-SUS	6	Wahlpflicht Bioinformatik	2
MBI-Proj-BM	9	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
MBI-Proj-CIW	9	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
MBI-Proj-CSB	9	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
MBI-Proj-GIK	9	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
MBI-Sem-BM	3	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
MBI-Sem-CIW	3	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
MBI-Sem-CSB	3	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
MBI-Sem-GIK	3	Schwerpunktmodule Bioinformatik	3
CHE 104	6	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	3
CHE 455 L	3	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	3
CHE 460 A	3	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	3
CHE 464	6	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	3
CHE 466	3	Wahlpflicht Lebenswissenschaften	3
InfM-ALG	9	Wahlpflicht Informatik	3
InfM-BAI	6	Wahlpflicht Informatik	3
InfM-CV 1	6	Wahlpflicht Informatik	3
InfM-OML	6	Wahlpflicht Informatik	3
MBI-AMLM	3	Wahlpflicht Bioinformatik	3
MBI-DLB	6	Wahlpflicht Bioinformatik	3
MBI-GCI	6	Wahlpflicht Bioinformatik	3
MBI-GSA	6	Wahlpflicht Bioinformatik	3
MBI-GSB	6	Wahlpflicht Bioinformatik	3
MBI-GST	6	Wahlpflicht Bioinformatik	3
MBI-MA	30	Pflicht	4

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Zu § 5 Absatz 1 Satz 2:

(1) Alle Lehrveranstaltungsarten nach § 5 MIN-PO M.Sc. sind möglich. Module bestehen insbesondere aus Kombinationen von Vorlesungen und jeweils einem Seminar oder einer Übung oder ausschließlich aus Vorlesungen. Zudem können Vorlesungen mit integrierten Übungen angeboten werden.

Zu § 5 Absatz 1 Satz 3 und 4, Absatz 2 und 3:

Für folgende Lehrveranstaltungsarten besteht Anwesenheitspflicht:

- a) Seminare, da diese auch zum Ziel haben, die Kritikfähigkeit und die Fähigkeit, Diskussionen zu führen, zu verbessern;
- b) Praktika, da die Studierenden unter Anleitung zum Lösen praktischer Problemstellungen befähigt werden sollen;
- c) Projekte, da diese auch dem Erwerb von Sozialkompetenzen dienen, z.B. der Befähigung zur Projektarbeit im Team;
- d) Übungen, wenn die Qualifikationsziele des zugehörigen Moduls außerhalb der Übungen in der Regel nicht vollständig erreicht werden können.

Die Anwesenheitspflicht gilt nicht für die Zulassung zu Wiederholungsprüfungen.

Zu § 7:

Prüfungsausschuss

Zu § 7 Absatz 1:

Ein Mitglied aus der Gruppe der Hochschullehrerinnen und Hochschullehrer und das Mitglied des wissenschaftlichen Personals sollen aus dem Zentrum für Bioinformatik stammen. Das Mitglied aus der Gruppe der Studierenden gehört dem Studiengang Bioinformatik (M.Sc.) an.

Zu § 13:

Studienleistungen und Modulprüfungen

Zu § 13 Absatz 4:

(1) Eine weitere Prüfungsart ist:

Ein Kolloquium bestehend aus einem Vortrag und einer wissenschaftlichen Diskussion zu den Inhalten des Vortrages. Der Gesamtumfang des Kolloquiums liegt zwischen 30 und 60 Minuten.

(2) Sofern die konkrete Prüfungsdauer und/oder der Prüfungsumfang nicht in diesen fachspezifischen Bestimmungen geregelt sind, werden sie zu Beginn der Lehrveranstaltung bekannt gegeben.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Zu § 13 Absatz 10:

Die Prüfung findet in der Sprache der Veranstaltung statt. Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Im Einvernehmen zwischen Prüfer bzw. Prüferin und Prüfling kann die Prüfung in einer vom Modul abweichenden Sprache abgehalten werden.

Zu § 14: Masterarbeit

Zu § 14 Absatz 1:

Verpflichtender Bestandteil des Abschlussmoduls ist neben der Masterarbeit ein Kolloquium, bestehend aus einem Vortrag und einer wissenschaftlichen Diskussion zu den Inhalten der Arbeit. Vortrag und Diskussion haben einen Gesamtumfang von 40 bis 60 Minuten. Das Kolloquium geht zu einem Anteil von einem Zehntel in die Bewertung des Abschlussmoduls ein und muss mindestens mit der Note 4,0 bestanden sein. Das Kolloquium soll bis spätestens 6 Wochen nach Abgabe der schriftlichen Arbeit stattfinden.

Zu § 14 Absatz 2 Satz 1:

Zum Abschlussmodul wird zugelassen, wer die Module des 1. Fachsemesters und zwei der vier Module „Genominformatik“, „Struktur und Simulation“, „Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf“ und „Computergestützte Systembiologie“ bestanden sowie insgesamt Module im Umfang von mindestens 60 Leistungspunkten erfolgreich absolviert hat. Über Ausnahmen entscheidet die bzw. der Vorsitzende des zuständigen Prüfungsausschusses.

Zu § 14 Absatz 4 Satz 2:

Die Masterarbeit kann in deutscher oder englischer Sprache abgefasst werden. Die Entscheidung hierüber muss im Einvernehmen zwischen der bzw. dem Studierenden und den Prüferinnen bzw. Prüfern getroffen werden.

Zu § 14 Absatz 5:

Der Bearbeitungsumfang des Abschlussmoduls, bestehend aus Masterarbeit und Kolloquium, umfasst 30 Leistungspunkte. Der Bearbeitungszeitraum der Masterarbeit beträgt 6 Monate.

Zu § 14 Absatz 7:

Mindestens eine Prüferin oder ein Prüfer des Abschlussmoduls soll der Gruppe der Hochschullehrerinnen und Hochschullehrer des Zentrums für Bioinformatik angehören.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Zu § 15:

Bewertung der Prüfungsleistungen

Zu § 15 Absatz 3 Satz 4:

Setzt sich eine Modulprüfung aus mehreren Teilprüfungsleistungen zusammen, so wird die Bildung der (Gesamt-)Note des Moduls in der Modulbeschreibung unter II. Modulbeschreibungen ausgewiesen. Dies gilt nicht für das Abschlussmodul, für das die Berechnung der Modulnote unter „Zu § 14“ festgelegt ist.

Zu § 15 Absatz 3 Satz 9 und 10:

Die Gesamtnote der Masterprüfung wird als mittels Leistungspunkten gewichtetes Mittel der Modulnoten und der Note des Abschlussmoduls berechnet, wobei der Freie Wahlbereich nicht berücksichtigt wird.

Zu § 15 Absatz 4:

Die Gesamtnote „Mit Auszeichnung bestanden“ wird vergeben, wenn die Masterarbeit mit 1,0 bewertet wird, die gemittelte Gesamtnote kleiner oder gleich 1,3 beträgt und alle Module, mit Ausnahme der Übergangs- und Angleichungsmodule des 1. Fachsemesters sowie der Module des Freien Wahlbereichs, nicht schlechter als mit 2,0 bewertet wurden.

II. Modulbeschreibungen

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

1. Module der Lehrinheit Bioinformatik

Titel	Programmierung für Naturwissenschaften 1
Sigle	InfB-PfN1
Qualifikationsziele	Die Studierenden sind sicher im Umgang mit dem Linux Betriebssystem. Sie haben den Umgang mit Entwicklungswerkzeugen wie Editoren und Interpretern erlernt. Die Studierenden beherrschen die wichtigsten Konzepte imperativer und objektorientierter Programmierung. Sie kennen grundlegende Abstraktionstechniken der Programmierung. Sie können grundlegende Algorithmen und Datenstrukturen flexibel in Programmen gängiger Programmiersprachen umsetzen. Sie haben gelernt, dass ein reproduzierbarer Softwaretest ein essentieller Bestandteil der Softwareentwicklung ist. Die Studierenden können grundlegende Überlegungen zur Effizienz ihrer Programme anstellen. Sie sind in der Lage, Softwarelösungen für kleinere Probleme, basierend auf grundlegenden Datenstrukturen und Programmiertechniken, eigenständig und strukturiert zu entwickeln.
Inhalte	Dieses Modul führt in die grundlegenden Konzepte und Methoden der imperativen und objektorientierten Programmierung ein. Dabei wird besonderer Wert auf Anwendungsbeispiele aus den Naturwissenschaften gelegt. In der Vorlesung werden die wichtigsten Konzepte, Notationen und Techniken der Skriptsprache Python eingeführt. Die Einführung erfolgt jeweils anhand von konkreten Problemen aus dem naturwissenschaftlichen Bereich und den hierfür relevanten Algorithmen und Datenstrukturen. In den Übungen wenden die Studierenden die vorgestellten Techniken an, in dem sie eigenständig, meist auf der Basis konkreter Spezifikationen von Algorithmen und Datenstrukturen Programme entwickeln und diese an vorgegebenen Daten testen. Sowohl in den Vorlesungen als auch in den Übungen wird die Effizienz der eingesetzten Algorithmen und Datenstrukturen betrachtet. Im weiteren Verlauf der Vorlesung werden wichtige Software-Bibliotheken in Python, wie numpy oder matplotlib vorgestellt und in umfangreichen Fallstudien aus dem naturwissenschaftlichen Bereich angewendet.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Programmierung für Naturwissenschaften 1: 2 SWS Übungen Programmierung für Naturwissenschaften 1: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Angleichungs-/Übergangsmodule, empfohlenes Semester: 1

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn mindestens 50% der Punkte für die Übungen erreicht und mehrmals in den Übungen eine Lösung vorstellt; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Programmierung für Naturwissenschaften 1: 3 LP Übungen Programmierung für Naturwissenschaften 1: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Advanced Machine Learning Methods in Biomedicine
Sigle	MBI-AMLM
Qualifikationsziele	Die Studierenden verfügen über vertiefte und aktuelle Fachkenntnisse zu fortgeschrittenen Methoden des maschinellen Lernens und deren Anwendung in der biomedizinischen Forschung. Sie sind in der Lage, sich eigenständig in komplexe Themen wie neuro-symbolische KI, interpretierbare KI, Reproduzierbarkeit von Forschung sowie aktuelle Entwicklungen im Bereich Deep Learning einzuarbeiten. Sie können wissenschaftliche Literatur kritisch analysieren, bewerten und relevante Inhalte adressatengerecht in mündlicher und schriftlicher Form präsentieren.
Inhalte	In diesem Seminar werden fortgeschrittene Themen aus dem Bereich Maschinelles Lernen und Künstliche Intelligenz mit Relevanz für die biomedizinische Forschung auf Basis aktueller wissenschaftlicher Publikationen vertiefend behandelt. Die Teilnehmer arbeiten sich in ein zugeordnetes Thema auf der Basis von Originalliteratur weitgehend selbstständig ein. Im Rahmen eines Referats und einer schriftlichen Ausarbeitung wird das Thema den anderen Studierenden verständlich dargestellt. Die zu bearbeitenden Themen werden auf der Basis aktuelle Forschungsarbeiten von Jahr zu Jahr neu festgelegt und werden beispielsweise ausfolgenden Bereichen gewählt: • Neuro-symbolische KI • Interpretierbare und erklärbare AI in der biomedizinischen Forschung • Reproduzierbarkeit von bioinformatischen Publikationen • Aktuelle Trends und methodische Entwicklungen im Bereich Maschinelles Lernen und Deep Learning
Lehr- und Lernformen	Seminar Advanced Machine Learning Methods in Biomedicine: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfM-ML
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar. Die Anwesenheit bei allen Präsentationen ist verpflichtend. Die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung findet in Form eines Referats mit einer schriftlichen Ausarbeitung in der Unterrichtssprache mit einer Gesamtnote (100%). Alle Präsentationen werden als Blockseminar an zwei bis vier aufeinanderfolgenden Tagen während des Prüfungszeitraums gehalten. Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt geben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Seminar Advanced Machine Learning Methods in Biomedicine: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Biomedical Image Analysis
Sigle	MBI-BIA
Qualifikationsziele	Die Studierenden kennen grundsätzliche Konzepte der Deep Learning-basierten Analyse von biomedizinischen Bilddaten, inklusive Spatial Omics Daten. Die Studierenden entwickeln ein Verständnis für den Ursprung der verschiedenen Datentypen und den damit verbundenen möglichen Problemen. Sie lernen dann die Grundlagen von Künstlicher Intelligenz mit einem Fokus auf Deep Learning und der Anwendung davon im Bildbereich und der Verknüpfung in Spatial Omics. Die Studierenden lernen auch den Vergleich zu klassischen Methoden der Bildanalyse zu ziehen und situativ auszuwählen. In den Übungen lernen sie die Theorie praktisch in der Programmiersprache Python umzusetzen.
Inhalte	Ziel des Moduls ist es, die Grundlagen für die KI-basierte Analyse und Integration von biomedizinischen Bild- und Spatial Omics Daten zu vermitteln. Zunächst erfolgt eine Einführung in das Deep Learning (DL) und es wird ein Überblick über den Ursprung der Daten und die damit verbundenen Herausforderungen gegeben. Diesem folgen weit verbreitete klassische Methoden der Bildanalyse (z.B. morphologische Operationen, Watershed) und dann neuere DL-Methoden (Convolutional Neural Networks, Vision Transformer, Unsupervised vs. Supervised Learning). Dabei wird auch die Analyse von Spatial Omics Daten behandelt.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Biomedical Image Analysis: 2 SWS Übungen Biomedical Image Analysis: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften, Kenntnisse der Grundlagen der Bioinformatik
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen die Teilnahme gilt als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet wurden und ein überwiegender Anteil (mindestens 50%) in den Übungen abgenommen wurde. Die Details zum abzunehmenden Anteil werden vom Veranstalter im ersten Veranstaltungstermin erläutert. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls i.d.R. mündlich und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine schriftliche Prüfung (Klausur) möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Biomedical Image Analysis: 3 LP Übungen Biomedical Image Analysis: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Biomedical Image Computing and Explainable AI
Sigle	MBI-BICX
Qualifikationsziele	Die Studierenden verfügen über grundlegende bis vertiefte Fachkenntnisse im Bereich der biomedizinischen Bildanalyse und -verarbeitung. Sie sind in der Lage, sich eigenständig in unterschiedliche methodische Ansätze von klassischen Bildverarbeitungsverfahren bis hin zu modernen maschinellen Lern- und Deep-Learning-Methoden einzuarbeiten und deren Einsatz in biomedizinischen Anwendungen zu verstehen und einzuordnen. Darüber hinaus können sie wissenschaftliche Literatur kritisch analysieren, insbesondere im Hinblick auf methodische Ansätze, Anwendungsbezug sowie Aspekte der Interpretierbarkeit und Nachvollziehbarkeit von KI-Modellen. Sie sind in der Lage, zentrale Inhalte allgemein verständlich aufzubereiten und sowohl mündlich als auch schriftlich adäquat wissenschaftlich darzustellen.
Inhalte	In diesem Seminar wird das Themengebiet der biomedizinischen Bildanalyse und -verarbeitung auf Basis aktueller wissenschaftlicher Publikationen sowie ausgewählter Lehrbuchkapitel vertiefend behandelt. Die Teilnehmenden arbeiten sich in ein zugeordnetes Thema auf der Basis von Originalliteratur, Review-Artikeln oder grundlegenden methodischen Texten weitgehend selbstständig ein. Im Rahmen eines Referats und einer schriftlichen Ausarbeitung wird das Thema einer Gruppe von Teilnehmenden verständlich dargestellt. Die Themen werden jährlich anhand aktueller Forschungsarbeiten festgelegt und decken ein breites methodisches Spektrum ab. Sie umfassen beispielsweise: • Klassische Bildverarbeitung (z. B. Filterung, Segmentierung, Registrierung) • Maschinelles Lernen und Deep Learning für biomedizinische Bildgebungsdaten • Biomedizinische Bildgebungsmodalitäten (z. B. Magnetresonanztomographie, Computertomographie, Mikroskopie) • Interpretierbarkeit und Erklärbarkeit von Modellen (Erklärbare KI) • Aktuelle methodische Entwicklungen aus Informatik und Medizin sowie deren Anwendungen in der biomedizinischen Bildanalyse
Lehr- und Lernformen	Seminar Biomedical Image Computing and Explainable AI: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar. Die Anwesenheit bei allen Präsentationen ist verpflichtend. Die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung wird in Form eines Referats und einer schriftlichen Ausarbeitung in der Unterrichtssprache mit einer Gesamtnote (100%) benotet. Alle Präsentationen werden als Blockseminar an zwei bis vier aufeinanderfolgenden Tagen während des Prüfungszeitraums gehalten. Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt geben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Seminar Biomedical Image Computing and Explainable AI: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf
Sigle	MBI-CIW
Qualifikationsziele	Die Studierenden kennen grundsätzliche Konzepte des (computergestützten) Wirkstoffentwurfs. Sie haben den praktischen Umgang mit ausgewählten Softwarewerkzeugen aus diesem Bereich trainiert. Schwerpunkt ist die Vermittlung der hinter den Anwendungen liegenden Modelle und Algorithmen für chemische und biochemische Fragestellungen. Die Studierenden haben so die Kompetenz erworben, eigenständige Lösungen für Probleme im Bereich Chemieinformatik und Modelling zu entwickeln.
Inhalte	In diesem Modul werden Kenntnisse über Computerverfahren zur Modellierung chemischer Strukturen und molekulare Wechselwirkungen vermittelt. Dabei spielen neben den Computeranwendungen selbst insbesondere die computergerechte Modellierung physiko-chemischer Aspekte und die zugrundeliegende Algorithmik eine wichtige Rolle. Schwerpunkte sind: • Computeranwendungen im Wirkstoffentwurf • Weiterführende Algorithmik für chemieinformatische Fragestellungen • Modellierung quantitativer Struktur-Wirkungsbeziehungen • Strukturelle Überlagerung von Molekülen • Protein-Ligand Docking-Verfahren, strukturbasiertes virtuelles Screening • Handhabung chemischer Räume und de novo molekulares Design • Protein-Protein-Dockingverfahren
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 3 SWS Übungen Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 1 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften, Kenntnisse der Grundlagen der Chemieinformatik
Verwendbarkeit des Moduls	Vertiefung Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme gilt als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet wurden und ein überwiegender Anteil (mindestens 50%) in den Übungen abgenommen wurde. Die Details zum abzunehmenden Anteil werden vom Veranstalter im ersten Veranstaltungstermin erläutert. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls in der Regel mündlich in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine schriftliche Prüfung (Klausur, Dauer 90 Minuten) möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 4,5 LP Übungen Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 1,5 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Computergestützte Systembiologie
Sigle	MBI-CSB
Qualifikationsziele	Die Studierenden können erkennen, wie man molekulare Netzwerke und OMICS-Daten (Genomik, Transcriptomik, Proteomik, Metabolomik) analysiert und phenotypische Signaturen (z.B. Krankheitsmechanismen) extrahiert. Die Studierenden kennen Methoden der künstlichen Intelligenz bzw. des maschinellen Lernens sowie Algorithmen auf molekularen Netzwerken insbesondere auch im Hinblick auf die Größe der zu analysierenden Datenmengen. Die Studierenden können die Qualität der Algorithmen und KI/ML-Methoden beurteilen und erkennen deren grundlegende Beschränkungen. Die Studierenden haben die Fähigkeit zu erkennen, ob und wie die fortgeschrittenen Verfahren der OMICS-Daten-Analyse für ähnliche Probleme angewendet werden können. Sie besitzen die Fähigkeit, ausgewählte Werkzeuge der Systembiologie erfolgreich in einer Programmiersprache zu implementieren.
Inhalte	Es werden fortgeschrittene Probleme der Analyse molekularbiologischer Netzwerke und computergestützter Methoden zu ihrer Lösung betrachtet. Motiviert durch biologische und medizinische Fragestellungen werden insbesondere Verfahren zur Analyse großer Mengen von OMICS-Daten vorgestellt. Dabei spielen Effizienzaspekte sowie Vorhersagekraft der maschinellen Vorhersagemodelle eine große Rolle. Das Modul gliedert sich wie folgt: • Verfahren zum Alignment von molekularen Netzwerken, • Enrichment-Analysen, • Datenwissenschaften (Clustering und Deep Learning), • Probabilistische Analyse biomedizinischer OMICS-Daten, • Vorhersage von Krankheitsmechanismen.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Computergestützte Systembiologie: 2 SWS Übungen Computergestützte Systembiologie: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften, Kenntnisse der Grundlagen der Systembiologie
Verwendbarkeit des Moduls	Vertiefung Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme gilt als erfolgreich, wenn mindestens 50% der Punkte für die Übungen erreicht wurden und einmal in den Übungen eine Lösung vorgestellt wurde. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Computergestützte Systembiologie: 3 LP Übungen Computergestützte Systembiologie: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Deep Learning in Bioinformatics
Sigle	MBI-DLB
Qualifikationsziele	Die Studierenden verstehen grundlegende und fortgeschrittene Konzepte des Deep Learning und kennen wichtige Netzwerkarchitekturen wie Convolutional Neural Networks, Recurrent Neural Networks, Graph Neural Networks und Transformer-Modelle. Sie sind in der Lage, Deep-Learning-Modelle für bioinformatische Fragestellungen zu entwerfen, zu trainieren, zu bewerten und zu interpretieren. Dabei können sie Besonderheiten biologischer Daten wie Heterogenität, hohe Dimensionalität oder kleine Stichprobengrößen berücksichtigen. Die Studierenden beherrschen moderne Methoden wie Transfer Learning, generative Modelle, selbstüberwachtes Lernen und multimodale Modellierung. Sie sind in der Lage, bioinformatische Datensätze mit Deep-Learning-Frameworks praktisch zu analysieren und geeignete Methoden auf Probleme wie Sequenzanalyse, Bildklassifikation oder Multi-Omics-Integration anzuwenden. Zudem erkennen sie Herausforderungen in Bezug auf Interpretierbarkeit, Fairness, Datenschutz, Reproduzierbarkeit und Nachhaltigkeit von KI-Modellen im biomedizinischen Kontext.
Inhalte	Dieses Modul vermittelt grundlegende und fortgeschrittene Konzepte des Deep Learnings mit einem besonderen Fokus auf Anwendungen in der Bioinformatik. In der Vorlesung werden zentrale Architekturen wie Convolutional Neural Networks, Recurrent Neural Networks, Graph Neural Networks und Transformer-Modelle vorgestellt und im Kontext biologischer Daten wie Sequenzen, Bilder, Netzwerke oder Multi-Omics diskutiert. Ein besonderer Fokus liegt auf bioinformatischen Herausforderungen wie hoher Dimensionalität, Datenknappheit oder Heterogenität. Dabei werden sowohl klassische als auch moderne Methoden wie Transfer Learning, selbstüberwachtes Lernen, generative Modelle, multimodales Lernen und föderiertes Lernen behandelt. In den Übungen lernen die Studierenden, diese Modelle praktisch umzusetzen, zu trainieren, zu bewerten und zu interpretieren - unter Verwendung realer biologischer Datensätze und aktueller Deep-Learning-Frameworks. Weiterhin werden Aspekte wie Interpretierbarkeit, ethische Fragestellungen, Reproduzierbarkeit und Skalierbarkeit im praktischen Kontext vertieft.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Deep Learning in Bioinformatics: 2 SWS Übungen Deep Learning in Bioinformatics: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfM-ML

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn mindestens 50% der Punkte in den Übungsaufgaben erreicht und mehrmals in den Übungen Lösungen vorgestellt wurden; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Deep Learning in Bioinformatics: 3 LP Übungen Deep Learning in Bioinformatics: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Grundlagen der Chemieinformatik
Sigle	MBI-GCI
Qualifikationsziele	Die Studierenden können erkennen, welche Probleme beim Umgang mit chemischen Strukturen im Computer entstehen und kennen Modelle und Algorithmen, um diese zu beherrschen. Sie haben grundlegende Verfahren aus der Chemieinformatik in Theorie und Anwendung erlernt und sind in der Lage, diese zur Entwicklung neuartiger Lösungswege einzusetzen.
Inhalte	Informatik-Methoden treten in vielfältigen Fragestellungen der Chemie auf. Beim Einsatz von Informatik ist dabei ein besonderes Augenmerk auf die Modellierung chemischer Sachverhalte zu legen. In diesem Modul werden grundlegende Techniken der Chemieinformatik behandelt. Dabei werden gleichermaßen die Problemmodellierung und die algorithmische Lösung betrachtet. Das Modul gliedert sich in die Schwerpunkte: • Die Modellierung chemischer Strukturen • Graphalgorithmische Fragestellungen auf chemischen Strukturen • Charakterisierung molekularer Ähnlichkeit • Räumliche Strukturmodelle und Grundlagen des molekularen Modellings
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Grundlagen der Chemieinformatik: 2 SWS Übungen Grundlagen der Chemieinformatik: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Grundlagenmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 1 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen. Die Bedingungen für eine erfolgreiche Teilnahme werden in der ersten Übung bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Grundlagen der Chemieinformatik: 3 LP Übungen Grundlagen der Chemieinformatik: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich
----------------------------	--------------------------

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Genominformatik
Sigle	MBI-GIK
Qualifikationsziele	Die Studierenden können erkennen, wie man algorithmische Probleme der Genomanalyse analysiert und strukturiert, insbesondere auch im Hinblick auf die Größe der zu analysierenden Datenmengen. Die Studierenden können die Qualität der Algorithmen beurteilen und erkennen deren grundlegende Beschränkungen. Die Studierenden haben die Fähigkeit zu erkennen, ob und wie die fortgeschrittenen Verfahren der Sequenz- und Genomanalyse für ähnliche Probleme angewendet werden können. Sie besitzen die Fähigkeit, ausgewählte Algorithmen der Genomanalyse erfolgreich in einer Programmiersprache zu implementieren.
Inhalte	Es werden fortgeschrittene Probleme der Analyse biologischer Sequenzen und Algorithmen zu ihrer Lösung betrachtet. Motiviert durch biologische Fragestellungen werden insbesondere Verfahren zur Analyse großer Mengen von Sequenzen vorgestellt. Dabei spielen Effizienzaspekte und die Implementierung der Algorithmen eine große Rolle. Das Modul gliedert sich wie folgt: • Verfahren zum Alignment ähnlicher Sequenzen und kompletter Genome, • Indexstrukturen für die biologische Sequenzanalyse, • Probabilistische Analyse biologischer Sequenzen, • Vorhersage von Genstrukturen, • RNA Sekundärstrukturvorhersage
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Genominformatik: 3 SWS Übungen Genominformatik: 1 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften, Kenntnisse der Grundlagen der Sequenzanalyse
Verwendbarkeit des Moduls	Vertiefung Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn mindestens 50% der Punkte für die Übungen erreicht und einmal in den Übungen eine Lösung vorstellt. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Genominformatik: 4,5 LP Übungen Genominformatik: 1,5 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Grundlagen der Sequenzanalyse
Sigle	MBI-GSA
Qualifikationsziele	Die Studierenden wissen, wie man grundlegende Probleme bei der computergestützten Analyse biologischer Sequenzen analysiert und strukturiert. Die Studierenden erkennen, ob und wie die vorgestellten Verfahren auf neue und ähnliche Problemstellungen angewendet werden können. Die Studierenden sind in der Lage, ausgewählte Algorithmen der Sequenzanalyse in einer Programmiersprache erfolgreich zu implementieren. Die Studierenden kennen grundlegende Beschränkungen der Verfahren der Sequenzanalyse und können die Qualität der Sequenzanalyse-Verfahren beurteilen.
Inhalte	Motiviert durch den biologischen Anwendungskontext werden grundlegende Modelle und Methoden für die Speicherung, den Vergleich und die Analyse von biologischen Sequenzen behandelt. Die betrachteten Methoden werden hinsichtlich ihrer Adäquatheit für die Problemstellungen sowie hinsichtlich ihrer Effizienz untersucht. Die Veranstaltung gliedert sich wie folgt: • Das Modell der Edit Distanz und seine Anwendung in der biologischen Sequenzanalyse, • Sequenzvergleiche ohne Alignments, • Signifikanz von Alignments, • Methoden zur Datenbanksuche, • Multiples Sequenzalignment.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Grundlagen der Sequenzanalyse: 2 SWS Übungen Grundlagen der Sequenzanalyse: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Grundlagenmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 1 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn mindestens 50% der Punkte für die Übungen erreicht und mehrmals in den Übungen eine Lösung vorstellt. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Grundlagen der Sequenzanalyse: 3 LP Übungen Grundlagen der Sequenzanalyse: 3 LP

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Grundlagen der computergestützten Systembiologie
Sigle	MBI-GSB
Qualifikationsziele	Die Studierenden wissen, wie man grundlegende Probleme bei der computergestützten Analyse biomedizinischer Omics-Daten analysiert und strukturiert angeht. Die Studierenden erkennen, ob und wie die vorgestellten Verfahren auf neue und ähnliche Problemstellungen angewendet werden können. Die Studierenden sind in der Lage, ausgewählte Algorithmen der Systembiologie und Systemmedizin in einer Programmiersprache erfolgreich zu implementieren. Die Studierenden kennen grundlegende Beschränkungen der Verfahren der künstlichen Intelligenz bzw. des maschinellen Lernens sowie der statistischen Omics-Datenanalyse. Sie können die Qualität der Methoden beurteilen.
Inhalte	Motiviert durch den biomedizinischen Anwendungskontext werden grundlegende Modelle und Methoden für die Analyse von biomedizinischen Molekulardaten behandelt. Die betrachteten Methoden werden hinsichtlich ihrer Adäquatheit für die Problemstellungen sowie hinsichtlich ihrer Effizienz und Akkuratheit untersucht. Das Modul gliedert sich wie folgt: • Einführung in die Molekularbiologie, • Einführung in die Biostatistik - speziell auf DNA/RNA-Sequenzen, • Algorithmen auf Sequenzen, • Methoden der künstlichen Intelligenz und des maschinellen Lernens und deren Anwendung in der Biomedizin.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Grundlagen der computergestützten Systembiologie: 2 SWS Übungen Grundlagen der computergestützten Systembiologie: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Grundlagenmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 1 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme an Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn mindestens 50% der Punkte für die Übungen erreicht wurden und mehrmals in den Übungen eine Lösung vorgestellt wurde. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Grundlagen der computergestützten Systembiologie: 3 LP Übungen Grundlagen der computergestützten Systembiologie: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Grundlagen der Strukturanalyse
Sigle	MBI-GST
Qualifikationsziele	Nach erfolgreichem Absolvieren des Moduls sind die Studierenden in der Lage • systematisch dreidimensionale Koordinaten für Makromoleküle aus Standard-Datenbanken zu extrahieren, • die Kräfte zu beschreiben, die innerhalb von Molekülen wirken, • die physikalischen Prinzipien zu erläutern, die den wichtigsten experimentellen Methoden zur Bestimmung von Proteinstrukturen zugrunde liegen, • die rechnergestützte Pipeline zur Rekonstruktion atomarer Modelle aus Beugungsmustern oder Kryo-Elektronenmikroskopiedaten zu erklären, • mathematische Techniken anzuwenden, um strukturelle Ähnlichkeiten zu berechnen und Unterschiede zwischen biologischen Makromolekülen zu quantifizieren, • die Qualität experimenteller Daten oder Vorhersagemethoden analysieren und interpretieren, um die Zuverlässigkeit der resultierenden Strukturmodelle zu beurteilen, • verschiedene Ansätze zur Strukturbestimmung oder -vorhersage für spezifische biologische Forschungsfragen zu evaluieren.
Inhalte	Proteinberechnungen umfassen Methoden von der Simulation bis hin zur Klassifikation. Die Studierenden werden in die wichtigsten Modelle und Analysemethoden biologischer Strukturen eingeführt, wobei der Schwerpunkt auf Proteinstrukturen liegt. Folgende Themen werden behandelt: • Physikalische und chemische Grundlagen von Proteinstrukturen. • Grundprinzipien der Vorhersage von Proteinstrukturen aus einer Sequenz. • Bestimmung dreidimensionaler Koordinaten von Proteinen auf der Grundlage experimenteller Daten aus der Kristallographie oder Kryo-Elektronenmikroskopie. • Bildverarbeitung und Kartierung des elektrostatischen Potenzials in der Kryo-Elektronenmikroskopie. • Algorithmen zur strukturellen Überlagerung und RMSD-Berechnung.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Grundlagen der Strukturanalyse: 2 SWS Übungen Grundlagen der Strukturanalyse: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Verwendbarkeit des Moduls	Grundlagenmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 1 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn mindestens 50% der Punkte für die Übungen erreicht und mehrmals in den Übungen eine Lösung vorstellt. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Grundlagen der Strukturanalyse: 3 LP Übungen Grundlagen der Strukturanalyse: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	High Throughput-Experimente - eine Einführung in die experimentellen Techniken zur Generierung von Omics-Daten
Sigle	MBI-HTE
Qualifikationsziele	Die Studierenden verfügen über ein solides Verständnis der experimentellen Techniken und praktischen Aspekte für die Generierung von Omics-Daten. Dieses Wissen ist komplementär zum methodischen Wissen, das in den Grundlagenmodulen und fortgeschrittenen Modulen der Bioinformatik vermittelt wird. Durch die Kombination der Kenntnisse aus diesem Modul und dem methodischen Wissen der Bioinformatik sind die Studierenden noch besser in der Lage, maßgeschneiderte bioinformatische Lösungen für die Analyse von High Throughput-Datensätzen zu entwickeln.
Inhalte	Dieses Modul dient als umfassende Einführung in die experimentellen Technologien, die zur Generierung von High Throughput-Daten dienen. Das Modul vermittelt den Studierenden grundlegende technische Kenntnisse, die komplementär zum methodischen Wissen sind, das in den Grundlagenmodulen und fortgeschrittenen Modulen der Bioinformatik vermittelt wird. Inhalte des Moduls sind insbesondere: Einführung in High Throughput-Technologien, Genomik, Epigenomik, Transkriptomik, Einzelzell-Sequenzierungstechnologien, 3C-basierte Technologien, Proteomik, Metabolomik, Multi-omic Integration, ethische und regulatorische Aspekte.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung High Throughput-Experimente - eine Einführung in die experimentellen Techniken zur Generierung von Omics-Daten: 2 SWS Seminar High Throughput-Experimente - eine Einführung in die experimentellen Techniken zur Generierung von Omics-Daten: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Die Zulassung zur Modulprüfung setzt die erfolgreiche Teilnahme am Seminar voraus. Die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und gegebenenfalls angemessen schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung über alle Lehrveranstaltungen des Moduls i.d.R. schriftlich (Klausur, 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung High Throughput-Experimente - eine Einführung in die experimentellen Techniken zur Generierung von Omics-Daten: 3 LP Seminar High Throughput-Experimente - eine Einführung in die experimentellen Techniken zur Generierung von Omics-Daten: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Abschlussmodul M.Sc. Bioinformatik
Sigle	MBI-MA
Qualifikationsziele	Die Studierenden haben die Fähigkeit zur selbstständigen Bearbeitung eines wissenschaftlichen Themas und zur Übertragung von Methodenwissen der Bioinformatik auf ein Problem aus dem Bereich der Lebenswissenschaften. Sie besitzen vertiefte Problemlösungskompetenz sowie die Fähigkeit des Transfers von Methodenwissen insbesondere in neue Anwendungsbereiche oder auf größere Datensätze und zur wissenschaftlichen Bewertung und Einordnung der eigenen Arbeit vor dem Hintergrund der aktuellen Forschungsarbeiten zum jeweils gewählten Thema. Sie haben die Fähigkeit zur Darstellung, wissenschaftlichen Bewertung und Diskussion der Lösungsansätze zum Thema der Masterarbeit in schriftlicher Form und als Referat mit Diskussion erworben.
Inhalte	Die Masterarbeit zeigt die Fähigkeit des Studierenden, eine wissenschaftliche Fragestellung aus dem Gebiet der Bioinformatik selbstständig mit Methoden der Informatik und der Naturwissenschaften zu bearbeiten und gemäß wissenschaftlicher Standards zu dokumentieren. Das Thema der Arbeit sollte die Entwicklung, Implementierung und Validierung einer bioinformatischen Methode beinhalten. Alternativ kann auch die Bearbeitung einer komplexen lebenswissenschaftlichen Fragestellung mit bioinformatischen Methoden thematisiert werden. Die Bearbeitung erfolgt in verschiedenen Phasen: • Einarbeitung in die Thematik und in den aktuellen Stand der Forschung • Erarbeiten von Methoden und Techniken zur Problemlösung • Implementation der Methoden und/oder Techniken • Validierung und Bewertung der Ergebnisse • Wissenschaftliche Darstellung der Ergebnisse in schriftlicher Form und als Vortrag mit anschließender Diskussion im Rahmen eines wissenschaftlichen Seminars. Die Studierenden haben ein Vorschlagsrecht für das Thema der Masterarbeit, sie werden ermutigt, von diesem Recht Gebrauch zu machen. Mindestens eine Prüferin oder ein Prüfer des Abschlussmoduls soll der Gruppe der Hochschullehrerinnen und Hochschullehrer des Zentrums für Bioinformatik angehören.
Lehr- und Lernformen	Masterarbeit und Präsentation in einem Kolloquium: keine Lehrveranstaltung, daher keine SWS Zur Dauer siehe § 14 der Prüfungsordnung der Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften für Studiengänge mit dem Abschluss Master of Science sowie die Fachspezifischen Bestimmungen zu § 14 (Masterarbeit).

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial und/oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Vgl. § 14 der MIN-PO sowie die FSB zu § 14 Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Pflicht, empfohlenes Semester: 4
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Masterarbeit (90%, i.d.R. 40-100 Seiten ohne Anhänge) und Kolloquium (10%). Näheres zur Modulprüfung regelt § 14 der Prüfungsordnung der Fakultät für Mathematik, Informatik und Naturwissenschaften für Studiengänge mit dem Abschluss Master of Science sowie die Fachspezifischen Bestimmungen zu § 14 (Masterarbeit). Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	30 LP
Dauer	Sechs Monate
Häufigkeit des Angebots	Jedes Semester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Projekt Biomolekulare Modellierung
Signle	MBI-Proj-BM
Qualifikationsziele	Die Studierenden werden in die Lage versetzt, sich ein komplexes wissenschaftliches Thema im Bereich Struktureller Bioinformatik selbstständig zu erarbeiten. Sie beherrschen die Grundlagen des Projektmanagements mit Konzeption, Planung und Realisierung eines Projekts zur Lösung einer größeren wissenschaftlichen Aufgabe. Die Durchführung anwendungsorientierter Softwareentwicklung im Team wird geschult.
Inhalte	In einem Projekt entwickeln die Teilnehmer ein größeres Softwaresystem zur Lösung eines bestimmten Problems in der Bioinformatik wenden dies auf konkrete biologische oder medizinische Daten an. Die Erstellung der Software erfolgt in Teamarbeit. Es wird nach dem üblichen Phasenmodell der Softwareentwicklung vorgegangen und neben der eigentlichen Implementierung auch Dokumente wie Pflichtenheft, Implementierungshandbuch und Quellcode-Dokumentation erstellt. Ein Projekt kann auch einen starken Anwendungsbezug haben. In diesem Fall steht die Anwendung computerbasierter Verfahren auf eine komplexe Fragestellung im Vordergrund. Thematisch gliedert sich dieses Projekt an das Modul „Struktur und Simulation“ an. Die Projektthemen werden auf der Basis aktueller Forschungsarbeiten mit Projektbeginn festgelegt.
Lehr- und Lernformen	Projekt Biomolekulare Modellierung: 6 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Kenntnisse der Grundlagen der Strukturanalyse, InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Die Zulassung zur Modulprüfung setzt die aktive Teilnahme an dem Projekt, eine kontinuierliche Beteiligung sowie eine erfolgreiche Projektmitarbeit voraus. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung Projektabschluss findet in Form eines Abschlussberichts (in der Regel insgesamt 20-80 Seiten) sowie eines Vortrags der Projektteilnehmenden (in der Regel 15-60 Minuten) mit anschließender Diskussion, jeweils in der Unterrichtssprache, mit einer Gesamtnote (100%) statt. Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Projekt Biomolekulare Modellierung: 9 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	9 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Projekt Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf
Sigle	MBI-Proj-CIW
Qualifikationsziele	Die Studierenden werden in die Lage versetzt, sich ein komplexes wissenschaftliches Thema im Bereich Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf selbstständig zu erarbeiten. Sie beherrschen die Grundlagen des Projektmanagements mit Konzeption, Planung und Realisierung eines Projekts zur Lösung einer größeren wissenschaftlichen Aufgabe. Die Durchführung anwendungsorientierter Softwareentwicklung im Team wird geschult.
Inhalte	In einem Projekt entwickeln die Teilnehmer ein größeres Softwaresystem zur Lösung eines bestimmten Problems in der Bioinformatik wenden dies auf konkrete biologische oder medizinische Daten an. Die Erstellung der Software erfolgt in Teamarbeit. Es wird nach dem üblichen Phasenmodell der Softwareentwicklung vorgegangen und neben der eigentlichen Implementierung auch Dokumente wie Pflichtenheft, Implementierungshandbuch und Quellcode-Dokumentation erstellt. Ein Projekt kann auch einen starken Anwendungsbezug haben. In diesem Fall steht die Anwendung computerbasierter Verfahren auf eine komplexe Fragestellung im Vordergrund. Thematisch gliedert sich dieses Projekt an das Modul „Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf“ an. Die Projektthemen werden auf der Basis aktueller Forschungsarbeiten mit Projektbeginn festgelegt.
Lehr- und Lernformen	Projekt Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 6 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Kenntnisse der Grundlagen der Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf, InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Die Zulassung zur Modulprüfung setzt die aktive Teilnahme an dem Projekt, eine kontinuierliche Beteiligung sowie eine erfolgreiche Projektmitarbeit voraus. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung Projektabschluss findet in Form eines Abschlussberichts (in der Regel insgesamt 20-80 Seiten) sowie eines Vortrags der Projektteilnehmenden (in der Regel 15-60 Minuten) mit anschließender Diskussion, jeweils in der Unterrichtssprache, mit einer Gesamtnote (100%) statt. Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Projekt Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 9 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	9 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Projekt Computergestützte Systembiologie
Sigle	MBI-Proj-CSB
Qualifikationsziele	Die Studierenden können ein wissenschaftliches Thema selbstständig erarbeiten. Sie sind in der Lage, die Konzeption, Planung und Realisierung eines Projekts zur Lösung einer größeren wissenschaftlichen Aufgabe im Bereich der computergestützten Systembiologie bzw. Systemmedizin durchzuführen. Die Studierenden haben den Umgang mit Software im Bereich Systembiologie bzw. Systemmedizin erlernt. Sie können im Team mit anderen Studierenden ein Projekt mit anwendungsorientierter Softwareentwicklung durchführen.
Inhalte	In einem Projekt sollen die Teilnehmer ein größeres Softwaresystem zur Lösung eines bestimmten Problems in der Systembiologie/Systemmedizin entwickeln bzw. weiterentwickeln und auf konkrete biologische oder medizinische Daten anwenden. Die Erstellung der Software erfolgt in Teamarbeit. Ein Projekt kann auch einen starken Anwendungsbezug haben. In diesem Fall steht die Anwendung computerbasierter Verfahren auf eine komplexe Anwendungsfragestellung im Vordergrund. Thematisch gliedert sich dieses Projekt an das Modul „Computergestützte Systembiologie“ an. Die Projektthemen werden auf der Basis aktueller Forschungsarbeiten von Jahr zu Jahr neu festgelegt.
Lehr- und Lernformen	Projekt Computergestützte Systembiologie: 6 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Kenntnisse der Grundlagen der Systembiologie, InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Die Zulassung zur Modulprüfung setzt die aktive Teilnahme an dem Projekt, eine kontinuierliche Beteiligung sowie eine erfolgreiche Projektmitarbeit voraus. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung Projektabschluss findet in Form eines Abschlussberichts (in der Regel insgesamt 20-80 Seiten) sowie eines Vortrags der Projektteilnehmenden (in der Regel 15-60 Minuten) mit anschließender Diskussion, jeweils in der Unterrichtssprache, mit einer Gesamtnote (100%) statt. Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Projekt Computergestützte Systembiologie: 9 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	9 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Projekt Genominformatik
Sigle	MBI-Proj-GIK
Qualifikationsziele	Die Studierenden können ein wissenschaftliches Thema selbstständig erarbeiten. Sie sind in der Lage, die Konzeption, Planung und Realisierung eines Projekts zur Lösung einer größeren wissenschaftlichen Aufgabe im Bereich Genominformatik durchzuführen. Die Studierenden haben den Umgang mit Software im Bereich Genominformatik erlernt. Sie können im Team mit anderen Studierenden ein Projekt mit anwendungsorientierter Softwareentwicklung für Probleme der Genominformatik durchführen.
Inhalte	In einem Projekt sollen die Teilnehmer ein größeres Softwaresystem zur Lösung eines bestimmten Problems in der Genominformatik entwickeln bzw. weiterentwickeln und auf konkrete biologische oder medizinische Daten anwenden. Die Erstellung der Software erfolgt in Teamarbeit. Ein Projekt kann auch einen starken Anwendungsbezug haben. In diesem Fall steht die Anwendung computerbasierter Verfahren auf eine komplexe Anwendungsfragestellung im Vordergrund. Thematisch gliedert sich dieses Projekt an das Modul „Genominformatik“ an. Die Projektthemen werden auf der Basis aktueller Forschungsarbeiten von Jahr zu Jahr neu festgelegt.
Lehr- und Lernformen	Projekt Genominformatik: 6 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Kenntnisse der Grundlagen der Sequenzanalyse, Kenntnisse der Genominformatik, InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Die Zulassung zur Modulprüfung setzt die aktive Teilnahme an dem Projekt, eine kontinuierliche Beteiligung sowie eine erfolgreiche Projektmitarbeit voraus. Modulprüfung und -sprache: : Die Modulprüfung Projektabschluss findet in Form eines Abschlussberichts (in der Regel insgesamt 20-80 Seiten) sowie eines Vortrags der Projektteilnehmenden (in der Regel 15-60 Minuten) mit anschließender Diskussion, jeweils in der Unterrichtssprache, mit einer Gesamtnote (100%) statt. Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Projekt Genominformatik: 9 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	9 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Struktur und Simulation
Sigle	MBI-SUS
Qualifikationsziele	Nach erfolgreichem Absolvieren des Moduls sind die Studierenden in der Lage • die Bedeutung der dynamischen Bewegung von Proteinen für ihre Funktion zu erklären und die Relevanz der Analyse der Proteinbewegung zu begründen, • die statistisch-mechanischen Prinzipien zu erklären, die verschiedenen dynamischen Simulationen im biologischen Kontext zugrunde liegen, • klein- und großräumige Molekulardynamik-Simulationen der Bewegung von Proteinstrukturen zu erklären und zu bewerten, • nicht-newtonsche Sampling-Methoden für dynamische Proteinmodi zu erklären und zu bewerten, • den Beitrag der Thermodynamik zur Proteinbewegung zu erklären und verschiedene energetische Berechnungsmethoden zu vergleichen, • fortgeschrittene Berechnungsstrategien zur Vorhersage und Simulation des Verhaltens biologischer Strukturen zu entwickeln.
Inhalte	Dieser Kurs beschäftigt sich umfassend mit anspruchsvollen Modellen und Methoden für Berechnungen mit Bezug zu Proteinen. Nach einer kurzen Einführung in die Bedeutung der Proteindynamik werden die statistisch-mechanischen Grundlagen atomistischer Simulationen betrachtet. Ein besonderer Schwerpunkt liegt dabei auf Newtonschen Simulationen und rechnerisch weniger aufwendigen Methoden zur Vorhersage von Proteinbewegungen. Des Weiteren wird das Thema Thermodynamik und energetische Berechnungen behandelt. Dabei liegt der Schwerpunkt auf der Integration thermodynamischer Prinzipien mit der computergestützten Biologie.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Struktur und Simulation: 3 SWS Übungen Struktur und Simulation: 1 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfB-PfN1 oder vergleichbare Kenntnisse der Programmierung für Naturwissenschaften, Kenntnisse der Grundlagen der Strukturanalyse
Verwendbarkeit des Moduls	Vertiefung Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2 Wahlpflicht Bioinformatik, empfohlenes Semester: 2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme gilt als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet wurden und ein überwiegender Anteil (mindestens 50%) in den Übungen abgenommen wurde. Die Details zum abzunehmenden Anteil werden im ersten Veranstaltungstermin erläutert. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) in der Unterrichtssprache. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Struktur und Simulation: 4,5 LP Übungen Struktur und Simulation: 1,5 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Seminar Biomolekulare Modellierung
Sigle	MBI-Sem-BM
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen vertiefende, aktuelle Fachkenntnisse im Bereich Modellierung von Biomolekülen. Sie sind in die Lage, komplexe wissenschaftliche Sachverhalte selbstständig zu erarbeiten und in wissenschaftlichen Präsentationen in mündlicher und schriftlicher Form vorzustellen.
Inhalte	In diesem Seminar wird das Themengebiet „Biomolekulare Modellierung“ auf der Basis aktueller wissenschaftlicher Publikationen in der Tiefe behandelt. Die Teilnehmer arbeiten sich in ein zugeordnetes Thema auf der Basis von Originalliteratur weitgehend selbstständig ein. Im Rahmen eines Referats und einer schriftlichen Seminararbeit wird das Thema den anderen Seminarteilnehmern verständlich dargestellt. Die Themen werden unter anderem aus den Teilgebieten gewählt: • Biologische oder molekulare Simulationsmethoden • Neue Simulationsanwendungen • Protein-Strukturanalyse, Bestimmung und Vergleich • Energielandschaften
Lehr- und Lernformen	Seminar Biomolekulare Modellierung: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Kenntnisse der Grundlagen der Strukturanalyse, Kenntnisse der Struktur und Simulation
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar. Die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und schriftlich aufgearbeitet wurde, im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung findet in Form eines Referats mit einer schriftlichen Ausarbeitung in der Unterrichtssprache mit einer Gesamtnote (100%). Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt geben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Seminar Biomolekulare Modellierung: 3 LP

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Seminar Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf
Sigle	MBI-Sem-CIW
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen vertiefende, aktuelle Fachkenntnisse in den Bereichen Computergestützter Wirkstoffentwurf und Chemieinformatik. Sie sind in der Lage, komplexe wissenschaftliche Sachverhalte selbstständig zu erarbeiten und diese in wissenschaftlichen Präsentationen in mündlicher und schriftlicher Form vorzustellen.
Inhalte	In diesem Seminar werden die Themengebiete Computergestützter Wirkstoffentwurf und Chemieinformatik auf der Basis aktueller wissenschaftlicher Publikationen in der Tiefe behandelt. Die Teilnehmer arbeiten sich in ein zugeordnetes Thema auf der Basis von Originalliteratur weitgehend selbstständig ein. Im Rahmen eines Referats und einer schriftlichen Seminararbeit wird das Thema den anderen Seminarteilnehmern verständlich dargestellt. Die Themen werden jährlich aus aktuellen Fragestellungen aus der Literatur gewählt.
Lehr- und Lernformen	Seminar Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Kenntnisse der Grundlagen der Chemieinformatik, Kenntnisse der Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar. Die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung findet in Form eines Referats mit einer schriftlichen Ausarbeitung in der Unterrichtssprache mit einer Gesamtnote (100%). Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt geben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Seminar Chemieinformatik/Wirkstoffentwurf: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich
-------------------------	--------------------------

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Seminar Computergestützte Systembiologie
Sigle	MBI-Sem-CSB
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen vertiefende, aktuelle Fachkenntnisse im Bereich Bioinformatik und Systembiologie bzw. Systemmedizin. Sie haben selbstständig einen komplexen wissenschaftlichen Sachverhalt erarbeitet und sind in der Lage, die erworbenen Kenntnisse in mündlicher und schriftlicher Form wissenschaftlich zu präsentieren.
Inhalte	In diesem Seminar wird das Themengebiet „Systembiologie und Systemmedizin“ auf der Basis aktueller wissenschaftlicher Publikationen in der Tiefe behandelt. Die Teilnehmer arbeiten sich in ein zugeordnetes Thema auf der Basis von Originalliteratur weitgehend selbstständig ein. Im Rahmen eines Referats und einer schriftlichen Ausarbeitung wird das Thema den anderen Studierenden verständlich dargestellt. Die zu bearbeitenden Themen werden auf der Basis aktueller Forschungsarbeiten von Jahr zu Jahr neu festgelegt.
Lehr- und Lernformen	Seminar Computergestützte Systembiologie: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Kenntnisse der Grundlagen der Systembiologie, Kenntnisse der computergestützten Systembiologie
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar. Die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung findet in Form eines Referats mit einer schriftlichen Ausarbeitung in der Unterrichtssprache mit einer Gesamtnote (100%). Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt geben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Seminar Computergestützte Systembiologie: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich
-------------------------	--------------------------

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Seminar Genominformatik
Sigle	MBI-Sem-GIK
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen vertiefende, aktuelle Fachkenntnisse im Bereich Genominformatik. Sie haben selbstständig einen komplexen wissenschaftlichen Sachverhalt erarbeitet und sind in der Lage, die erworbenen Kenntnisse in mündlicher und schriftlicher Form wissenschaftlich zu präsentieren.
Inhalte	In diesem Seminar wird das Themengebiet „Genominformatik“ auf der Basis aktueller wissenschaftlicher Publikationen in der Tiefe behandelt. Die Teilnehmer arbeiten sich in ein zugeordnetes Thema auf der Basis von Originalliteratur weitgehend selbstständig ein. Im Rahmen eines Referats und einer schriftlichen Ausarbeitung wird das Thema den anderen Studierenden verständlich dargestellt. Die zu bearbeitenden Themen werden auf der Basis aktueller Forschungsarbeiten von Jahr zu Jahr neu festgelegt.
Lehr- und Lernformen	Seminar Genominformatik: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial oder Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Kenntnisse der Sequenzanalyse, Kenntnisse der Genominformatik
Verwendbarkeit des Moduls	Schwerpunktmodule Bioinformatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar. Die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Die Modulprüfung findet in Form eines Referats mit einer schriftlichen Ausarbeitung in der Unterrichtssprache mit einer Gesamtnote (100%). Abweichungen werden vor der Anmeldung zum Modul bekannt geben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Seminar Genominformatik: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

2. Module der Lehreinheit Informatik

Titel	Algorithmen und Datenstrukturen
Sigle	InfB-AD
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen Kenntnisse über algorithmische Lösungen und sind in der Lage, diese im Hinblick auf Problemadäquatheit, Zeit- und Platzkomplexität, (strukturelle) Echtzeitfähigkeit, formale Korrektheit und Vollständigkeit zu bewerten. Sie verfügen über grundlegende Fertigkeiten für die Auswahl, Umsetzung und Modifikation von Algorithmen vor dem Hintergrund konkreter Informationsverarbeitungsaufgaben.
Inhalte	Behandelt werden theoretische Aspekte von Algorithmen zur Arbeit mit linearen, hierarchischen und graph-strukturierten Datenstrukturen. Einen Schwerpunkt bilden Sortierverfahren, Datenstrukturen für Suchprobleme, grundlegende Graphalgorithmen, Greedy-Verfahren, dynamische Programmierung und algorithmische Konzepte zur komplexitätstheoretischen Einordnung und Lösung kombinatorischer Probleme. Dies umfasst entsprechende Beweistechniken.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Algorithmen und Datenstrukturen: 3 SWS Übungen Algorithmen und Datenstrukturen: 1 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch mit deutsch- und gegebenenfalls englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Angleichungs-/Übergangsmodule, empfohlenes Semester: 1
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet und mindestens 50% richtig gelöst wurden; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben werden. Weitere Kriterien können Präsentation von Lösungen und das erfolgreiche Lösen elektronischer Tests sein. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls in der Regel schriftlich (Klausur) und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilen	Vorlesung Algorithmen und Datenstrukturen: 3 LP Übungen Algorithmen und Datenstrukturen: 3 LP

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Algorithmik
Sigle	InfM-ALG
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen vertiefende Kenntnisse weiterführender Algorithmen und Datenstrukturen sowie Methoden zu deren Effizienzanalyse. Sie haben Problemlösungskompetenz für formalisierbare, schwierige Probleme überwiegend kombinatorischer Natur entwickelt. Darüber hinaus haben die Studierenden die Fähigkeit erlangt, Algorithmen für spezielle Probleme selbst zu entwickeln und diese bzgl. ihrer Problemadäquatheit zu evaluieren.
Inhalte	Aufbauend auf den Kenntnissen zu den formalen Grundlagen der Informatik, speziell zu Algorithmen und Datenstrukturen, werden weiterführende Algorithmen und die zugrundeliegenden Analysetechniken präsentiert. Die behandelten Algorithmen stammen vorwiegend aus den folgenden Bereichen: • Graphalgorithmen (Wegeprobleme, Flüsse, Schnitte, Matching), • effiziente Datenstrukturen (selbst-organisierende Bäume, Heap-Strukturen), • Algorithmen für numerische Probleme (Matrixmultiplikation, Lineare und Ganzzahlige Programmierung), • einem vertiefendem Gebiet der Algorithmik, z.B. algorithmische Geometrie, parametrisierte Komplexität, oder planare Graphen.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Algorithmik: 4 SWS Übungen Algorithmik: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Kenntnisse von Algorithmen und Datenstrukturen sowie grundlegende Kenntnisse zu den formalen Grundlagen der Informatik Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Informatik, empfohlenes Semester: 3 Angleichungs-/Übergangsmodule, empfohlenes Semester: 1
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet und mindestens 50% richtig gelöst wurden; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben . Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls i.d.R. schriftlich (Klausur) und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Algorithmik: 6 LP Übungen Algorithmik: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	9 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Bio-Inspired Artificial Intelligence
Sigle	InfM-BAI
Qualifikationsziele	Die Studierenden sind vertraut mit der wissenschaftlichen Untersuchung und Nutzbarmachung von intelligentem Verhalten in der Natur: Sie kennen Prinzipien biologischer, intelligenter Strategien. Sie sind in der Lage zur kritischen Analyse der relevanten Charakteristiken und zur Umsetzung in Computermodelle für intelligente Systeme und Roboter.
Inhalte	Die Studierenden werden interdisziplinäre Forschung herangeführt, indem Verfahren der künstlichen Intelligenz, die an biologische oder menschliche Fähigkeiten angelehnt sind, betrachtet werden. Im Seminar werden Modelle aus der aktuellen Forschung evaluiert und zu den Vorlesungsinhalten in Beziehung gesetzt. Die wechselnden Themen im Seminar werden vor Beginn eines Masterjahrgangs festgelegt; hierdurch kann wechselnder Nachfrage und aktuellen Forschungsrichtungen Rechnung getragen werden. Inhaltliche Schwerpunkte sind fortgeschrittene Methoden für bioinspirierte intelligente Systeme: • Zelluläre Systeme und spikende neuronale Systeme • Bioinspirierte Bild- und Sprachverarbeitung • Evolutionäre Systeme und bioinspirierte Roboter • Kommunikationsbasierte Kooperation und Mensch-Roboter Interaktion
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Bio-Inspired Artificial Intelligence: 2 SWS Seminar Bio-Inspired Artificial Intelligence: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Informatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar; die Teilnahme am Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert oder praktisch demonstriert und ggf. angemessen schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gemacht. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls; i.d.R. mündlich und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine schriftliche Prüfung (Klausur) möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Bio-Inspired Artificial Intelligence: 3 LP Seminar Bio-Inspired Artificial Intelligence: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Computer Vision I
Sigle	InfM-CV 1
Qualifikationsziele	Die Studierenden kennen die Grundlagen der digitalen Bildverarbeitung und Computer Vision und haben ihr Wissen in begleitenden Übungen gefestigt.
Inhalte	Inhaltliche Schwerpunkte sind: Bildverarbeitungsgrundlagen (Digitale Filter, Glättung, Kantendetektion), Merkmalsextraction (DOG, SIFT, HOG) und Objekterkennung mit Merkmalen, Bildsegmentierung und Superpixelmethoden sowie Objektklassifikation mit Hilfe maschineller Lernverfahren, insbesondere Deep Learning.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Computer Vision I: 2 SWS Übungen Computer Vision I: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Informatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen. Die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet und mindestens 50% richtig gelöst wurden; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls; in der Regel schriftlich (Klausur) und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Moduleilen	Vorlesung Computer Vision I: 3 LP Übungen Computer Vision I: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Datenbanken und Informationssysteme
Sigle	InfM-DIS
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen vertiefte Kenntnisse der grundlegenden Prinzipien, Konzepte und Methoden zur Datenverwaltung, -aufbereitung und -analyse; sie haben ein vertieftes Verständnis der Handhabung von Daten- und Wissensbeständen; sie haben die Fähigkeit zur Konzeptualisierung und Realisierung von Datenbank- und Informationssystemen und zur Anpassung von Datenbanksystemen an spezifische Anwendungsgegebenheiten erlangt; sie verfügen über Kenntnisse der Möglichkeiten zur Integration von Datenbanklösungen in komplexe Softwaresysteme (Data Warehouses oder web-basierte, verteilte Informationssysteme).
Inhalte	In der Veranstaltung werden aktuelle Ansätze der Gestaltung und Realisierung zentralisierter, verteilter und Internet-basierter Informationssysteme behandelt. Inhaltliche Schwerpunkte sind: Aktuelle Datenbanktechnologie, Objekt-relationale Datenbanksysteme und Erweiterbarkeit von Datenbanksystemen; Architektur und Komponenten von Datenbankverwaltungssystemen, insbesondere Transaktionsverwaltung; Verteilte Datenverwaltung und Web-Zugriff; Data Warehouse; Data/Web/Text Mining sowie Semantic Web.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Datenbanken und Informationssysteme: 4 SWS Übungen/Seminar Datenbanken und Informationssysteme: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Vertiefte Kenntnisse des relationalen Datenbankmodells (ER-Modellierung, Normalisierung, Relationenalgebra, SQL); Grundkenntnisse in der Verwaltung semistrukturierter Daten (XML, XML-Schema, XML-Anfragesprachen); Grundkenntnisse der formalen Logik (Hornklausel-Logik, Prädikatenkalkül)
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Informatik, empfohlenes Semester: 2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an Übungen/Seminar; die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet und mindestens 50% richtig gelöst wurden; die Teilnahme an einem Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und gegebenenfalls angemessen schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls; in der Regel schriftlich (Klausur) und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Datenbanken und Informationssysteme: 6 LP Übungen/Seminar Datenbanken und Informationssysteme: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	9 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Maschinelles Lernen
Sigle	InfM-ML
Qualifikationsziele	Die Studierenden haben vertiefte Kenntnisse der verschiedenen Ansätze zum Lernen aus Daten auch im Hinblick auf ihre jeweiligen Beschränkungen. Sie besitzen die Fähigkeit zur vergleichenden Bewertung von Lernverfahren im Hinblick auf spezifische Anwendungsbedingungen. Sie besitzen die Fähigkeit zur systematischen Einordnung neuer Verfahren. Sie besitzen die Fähigkeit zur Konzeption, Umsetzung und Evaluation eines lernenden Systems für eine gegebene Aufgabenstellung. Sie besitzen die Fähigkeit zur Präsentation von empirischen Befunden im Bereich des maschinellen Lernens.
Inhalte	Theoretische Grundlagen des maschinellen Lernens; Bias-Varianz-Tradeoff; Regularisierung; Modellselektion und Modellauswertung; Überwachte Lernverfahren für Regression und Klassifikation (lineare Methoden, nichtlineare Methoden, Kernel-Ansatz, Entscheidungsbäume); Methoden des unüberwachten Lernens (Dimensionsreduktion, Clustering, Matrizenvervollständigung); Ansätze des tiefen Lernens.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Maschinelles Lernen: 4 SWS Übungen/Seminar Maschinelles Lernen: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Grundkenntnisse in Linearer Algebra, Stochastik, Data Mining, Python
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Informatik, empfohlenes Semester: 2
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an Übungen/Seminar; die Teilnahme an den Übungen gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn alle Aufgaben bearbeitet und mindestens 50% richtig gelöst wurden; die Teilnahme an einem Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert und gegebenenfalls angemessen schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls; in der Regel schriftlich (Klausur) und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Maschinelles Lernen: 6 LP Übungen/Seminar Maschinelles Lernen: 3 LP

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	9 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Neural Networks
Sigle	InfM-NN
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen vertieftes Verständnis künstlicher neuronaler Netzwerke und deren Integration in Informatikarchitekturen. Sie können komplexe Problemstellungen durchdringen und für diese adäquate Lösungen erarbeiten.
Inhalte	In diesem Modul soll in der Wissensverarbeitung mit neuronalen Netzwerken an die aktuelle Forschung herangeführt werden und den Studierenden somit die Voraussetzung gegeben werden, angeleitet an der Forschung teilzunehmen. Dazu liefert die Vorlesung einen umfassenden Einblick in künstliche neuronale Netzwerke und deren Verwendung und Integration in hybride neuronale/symbolische Systeme. Im Seminar werden Modelle aus der aktuellen Forschung evaluiert und zu den Vorlesungsinhalten in Beziehung gesetzt. Die wechselnden Themen im Seminar werden vor Beginn eines Masterjahrgangs festgelegt; hierdurch kann wechselnder Nachfrage und aktuellen Forschungsrichtungen Rechnung getragen werden. Themen für Veranstaltungen des Moduls: • Neuronale Netze: von Basismodellen bis zu fortgeschrittenen Netzwerken • Unüberwachtes und verstärkendes Lernen mit neuronalen Netzen • Hybride symbolische und neuronale Architekturen • Neuronales Clustering und Klassifikation • Neuronale Modelle für kognitive Verarbeitung • Neuroscience-inspirierte Architekturen für kognitive Roboter
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Neural Networks: 2 SWS Seminar Neural Networks: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Kenntnisse in bioinspirierter künstlicher Intelligenz
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Informatik, empfohlenes Semester: 2

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme am Seminar: die Teilnahme an einem Seminar gilt grundsätzlich als erfolgreich, wenn das zugeordnete Themenfeld verstanden, angemessen präsentiert oder praktisch demonstriert und ggf. angemessen schriftlich aufgearbeitet wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gemacht. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls; i.d.R. mündlich und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine schriftliche Prüfung (Klausur) möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Neural Networks: 3 LP Seminar Neural Networks: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Optimization for Machine Learning
Sigle	InfM-OML
Qualifikationsziele	Viele Probleme im Bereich des maschinellen Lernens und der künstlichen Intelligenz erfordern die Lösung eines Optimierungsproblems. Dies gilt sowohl für klassisches maschinelles Lernen als auch für moderne Deep-Learning-Methoden. Es werden die theoretischen Grundlagen von Optimierungsalgorithmen sowie deren praktische Umsetzung in Python mit einem besonderen Fokus auf maschinelle Lernprobleme behandelt. Die Studierenden kennen und verstehen die theoretischen Garantien/Laufzeiten und Grenzen verschiedener Optimierungsalgorithmen. Sie wissen, welcher Algorithmus für ein bestimmtes maschinelles Lernproblem zu wählen ist, und wie man Optimierungsalgorithmen für maschinelles Lernen effizient implementiert. Sie sind sich der numerischen Robustheit und Rundungsfehler bei Optimierungsalgorithmen bewusst.
Inhalte	Es werden die theoretischen Grundlagen von Optimierungsalgorithmen sowie deren praktische Umsetzung und Anwendung auf maschinelles Lernen behandelt. Das bedeutet, dass verschiedene Algorithmen vorgestellt und ihre Laufzeiten analysiert werden, untere Schranken für verschiedene Funktionsklassen bewiesen werden und diese Algorithmen in Python implementiert und auf verschiedenen maschinellen Lernproblemen angewendet werden. Daher sind Vorkenntnisse in linearer Algebra, Analysis und Wahrscheinlichkeitstheorie sowie Kenntnisse im Schreiben von Python-Code unerlässlich. Insbesondere werden die folgenden Themen ausführlicher behandelt: • Grundlagen der Optimierung, wo Optimierung im maschinellen Lernen eingesetzt wird • Allgemeine Algorithmen zur Lösung unbeschränkter Optimierungsprobleme • Spezialisierte Algorithmen, die oft im maschinellen Lernen eingesetzt werden, z.B. Frank-Wolfe-Methoden, conditional gradient descent, coordinate descent, proximal methods • Optimierungsprobleme mit allgemeinen Nebenbedingungen und Algorithmen zu deren Lösung, Dualitätstheorie • Optimierungsalgorithmen, die für große Probleme und Deep Learning eingesetzt werden, z.B. stochastische Gradientenabstiegsverfahren wie SGD, Adam, AdaGrad, RMSProp • Effizientes Berechnen von Matrix- und Tensorableitungen, Algorithmisches Differenzieren
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Optimization for Machine Learning: 2 SWS Übungen Optimization for Machine Learning: 2 SWS

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Unterrichtssprache	Englisch mit englischsprachigem Lehrmaterial
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: InfM-ML, Grundkenntnisse in Linearer Algebra, Analysis, Python
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Informatik, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Regelmäßige und erfolgreiche Teilnahme an den Übungen; die Teilnahme gilt als erfolgreich, wenn mindestens einmal in den praktischen Übungen eine Lösung vorgestellt wurde sowie eine Lösung für die die gesamte Vorlesungsphase begleitende Übung erfolgreich präsentiert wurde; im Falle abweichender Kriterien werden diese vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Modulprüfung und -sprache: Gemeinsame Modulprüfung für alle Lehrveranstaltungen des Moduls; in der Regel schriftlich (Klausur, Dauer 90 Minuten) und in der Unterrichtssprache. Abweichend ist eine mündliche Prüfung möglich. Die Prüfungsart wird vor der Anmeldung zum Modul bekannt gegeben. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Optimization for Machine Learning: 3 LP Übungen Optimization for Machine Learning: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

3. Module der Lehreinheit Chemie

Titel	Einführung in die Biochemie
Sigle	CHE 008
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen eine grundlegende Fachkompetenz im Fach Biochemie. Sie können zelluläre Strukturen beschreiben. Sie besitzen grundlegende Kenntnisse über die Struktur und Eigenschaften der Basismakromoleküle der Zelle wie Proteine, Nukleinsäuren, Fette und Zucker. Die Studierenden haben ein Verständnis über die zellulären Funktionen der Biomoleküle und können grundlegende Methoden zu deren Charakterisierung beschreiben. Sie verstehen die grundlegenden Prinzipien der Proteinfunktion, d.h. der strukturellen und katalytischen Funktion sowie der Nukleinsäurefunktion als Hauptelemente des Prozesses der Übertragung der genetischen Information. Die Studierenden sind in der Lage, aufbauend auf den grundlegenden beispielhaften biochemischen Prozessen, diese in komplexere und verzweigte biochemische Wege selbstständig zu differenzieren und die Regulationspunkte dieser zu erkennen. Die Studierenden verstehen die biophysikalischen Eigenschaften der Proteine und Nukleinsäuren und somit die grundlegenden Aspekte unterschiedlicher biochemischer Methoden zu ihrer Charakterisierung und können dieses Wissen bei der Identifizierung und Charakterisierung zellulärer Makromoleküle praktisch umsetzen und anwenden.
Inhalte	Aminosäuren, Peptide und Proteine, Proteinstruktur, katalytische und Strukturfunktionen, Enzyme; Lebenszyklus der Proteine in der Zelle. Kohlenhydrate und Lipide; Membranenaufbau; Funktion der Zellmembran. Aufbau, Struktur und Funktion von Nukleinsäuren, Übertragung der genetischen Information, DNA-Replikation, Transkription, RNA-Reifung, Genetischer Code, Translation. Vielfältigkeit der Lebensformen – Beispiele unterschiedlicher Zellen.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Einführung in die Biochemie: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch, i.d.R. deutsch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Angleichungs-/Übergangsmodule, empfohlenes Semester: 1
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Klausur Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilen	Vorlesung Einführung in die Biochemie: 3 LP

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Allgemeine und Anorganische Chemie
Sigle	CHE 080 A
Qualifikationsziele	Die Studierenden sind in der Lage, den Zusammenhang zwischen den Eigenschaften chemischer Elemente bzw. chemischen Prozessen in sprachlicher Beschreibung und in chemischer Formulierung wiederzugeben. Sie können sich die Erstellung chemischer Reaktionsgleichungen auf Basis stöchiometrischer Grundlagen und des Massenwirkungsgesetzes selbstständig erarbeiten und dabei notwendige Maßeinheiten richtig anwenden. Sie verstehen den Aufbau von Atomen und können zwischen den Eigenschaften des Atomkerns und der Elektronenhülle unterscheiden. Sie besitzen die Fähigkeit, die verschiedenen chemischen Bindungsarten auf Basis physikalischer und chemischer Grundkenntnisse zu verstehen und ein Urteilsvermögen dafür zu entwickeln, in welchen Verbindungen oder Elementen welcher Bindungstyp vorliegt. Sie haben das Aufbauprinzip des Periodensystems der Elemente verstanden und können daraus einfache Eigenschaften von Elementen ableiten. Entsprechend können sie wichtige Stoffkreisläufe und Reaktionstypen nennen und erläutern.
Inhalte	Grundlegende Konzepte der Chemie; Atombau, Struktur der Elektronenhülle, Periodensystem der Elemente; Stöchiometrie, chemisches Rechnen, chemische Formeln und Gleichungen, Gasgesetze; Bindungsvorstellungen und chemische Verbindungen: Ionenbindung, Atombindung, metallische Bindung, van-der-Waals-Kräfte, Moleküle, Koordinationsverbindungen, Nomenklatur; chemische Reaktionen: Energetik, chemisches Gleichgewicht, Kinetik, Katalyse; Chemie in wässriger Lösung: Wasser, Lösungsvorgänge und Löslichkeitsprodukt, Säuren und Basen; Redox-Reaktionen; Stoffchemie ausgewählter Haupt- und Nebengruppenelemente mit Bezug zu wichtigen technischen Verfahren oder mit biologisch/biochemischer Relevanz.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Allgemeine und Anorganische Chemie: 4 SWS Übungen zur Allgemeinen und Anorganischen Chemie: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch, i.d.R. Deutsch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Mathematik auf Abiturniveau, naturwissenschaftliche Allgemeinbildung
Verwendbarkeit des Moduls	Angleichungs-/Übergangsmodule, empfohlenes Semester: 1
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Übungsabschluss (unbenotet) Modulprüfung und -sprache: Klausur Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Allgemeine und Anorganische Chemie: 4 LP Übungen zur Allgemeinen und Anorganische Chemie: 2 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Spektroskopie
Sigle	CHE 104
Qualifikationsziele	Ziel des Moduls ist das Erlernen und Vertiefen der Theorien und Hintergründe analytischer Verfahren zur Strukturaufklärung verschiedener Molekülklassen. Studierende sollten anschließend in der Lage sein, die richtige Analytik zu ihrer Fragestellung auszuwählen, Ergebnisse aus diesen Analysen zu interpretieren und kritisch zu hinterfragen und die Struktur unbekannter Moleküle aufzuklären. An ausgewählten Beispielen werden die erlernten Grundlagen angewendet. Dies soll die Studierenden dazu befähigen, das Wissen auch auf unbekannte Verbindungen zu übertragen und durch diesen Transfer auch solche Analysen zu lösen.
Inhalte	Allgemeiner Teil (10 Wochen) Grundlagen der NMR Spektroskopie, grundlegende physikalische Gleichungen, ^1H - und ^{13}C -NMR-Spektroskopie, die chemische Verschiebung, Kopplungskonstanten, Karplusbeziehung, Zusammenhang zwischen der Kopplungskonstanten, der chemischen Verschiebung und der chemischen Struktur, dynamische NMR, Nomenklatur, Spektren höherer Ordnung, Inkrementberechnungen der chemischen Verschiebung, das Vektormodell, T_1 - und T_2 -Relaxation, homo- und heteronukleare 2D-Spektroskopie, Grundlagen des NOE (Nuclear Overhauser Effect), Trends in der NMR. Grundlegende Konzepte der Massenspektrometrie, Isotopenverhältnisse, Ladungszustände, Aufbau von Massenspektrometern, Ionisierung, Massenanalysatoren, Kopplung an chromatographische Systeme, Quantifizierung mit MS, Trends in der MS. Vertiefung (4 Wochen) NMR von Biomolekülen: NMR von Peptiden und Proteinen, Metabolomics und Analyse komplexer Gemische; Vertiefte Übung an einem komplexen Beispiel zur Analyse von NMR-Spektren NMR von Heterokernen und Festkörper-NMR: NMR Eigenschaften und Spektren von weiteren Kernen von Elementen des Periodensystems; Quadrupolmoment, Paramagnetismus, Relaxation, Grundlagen der Festkörper NMR NMR von Polymeren: Grundlagen der Analyse von Polymeren, quantitative ^{13}C -NMR, Relaxation, Grundlagen der Festkörper-NMR
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Spektroskopie: 2 SWS Vorlesung Spektroskopie-Vertiefung: 1 SWS Übungen Spektroskopie: 1 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch, i.d.R. englisch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 3

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Klausur Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Spektroskopie: 3 LP Vorlesung Spektroskopie-Vertiefung: 1,5 LP Übungen Spektroskopie: 1,5 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Quantenchemie III
Sigle	CHE 143
Qualifikationsziele	Die Studierenden sind in der Lage, die theoretischen Grundlagen von Quanteneinbettungsverfahren zu erklären, vergleichend zu diskutieren und zu bewerten, sowie sich diese Grundlagen eigenständig abzuleiten basierend auf den Grundlagen der Quantenmechanik. Dazu lernen sie die Grundlagen der Green's-Funktionentheorie in Vielkörperstörungstheorie kennen und können damit theoretische Modelle ableiten, analysieren und vergleichen. Sie kennen die Grenzen der Gültigkeit verschiedener Näherungen und können für eine konkrete Fragestellung die Wahl einer geeigneten Näherung begründen und hinterfragen.
Inhalte	Wiederholung Grundlagen der Quantentheorie: Zweite Quantisierung, Hartree-Fock-Theorie, Dichtefunktionaltheorie (DFT) Green's-Funktionen in Many-Body Perturbation Theory Multiskalenmethoden: QM/MM: Grundlagen und Limitierungen Subsystem DFT: Grundlagen, Anwendungen und Limitierungen Density Matrix Embedding Theory: Grundlagen, Anwendungen und Limitierungen Dynamical Mean-Field Theory: Grundlagen aus Sicht der Quantenchemie, Anwendungen und Limitierungen Praktische Aspekte von Multiskalenmethoden; Aktuelle Aspekte von Multiskalenmethoden und Entwicklungen Grundlagen der Quantendynamik / des Elektronentransports in Nanostrukturen
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Quantenchemie III: 2 SWS Übungen Quantenchemie III: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch, i.d.R. deutsch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Grundlagen der Quantenchemie und Quantenmechanik
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 2
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: In der Regel Kolloquium, abweichend mündliche Prüfung (benotet) Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Quantenchemie III: 3 LP Übungen Quantenchemie III: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Biohybrid Nanostructures – Vorlesungsmodul
Sigle	CHE 163 A
Qualifikationsziele	Die Studierenden besitzen Kenntnisse zum Einsatz von Biomolekülen für das Design und die Synthese von biohybriden Nanostrukturen, die aus Biomolekülen und anorganischen Komponenten bestehen. Diese Kenntnisse dienen den Studierenden bei der selbstständigen Bearbeitung von wissenschaftlichen Fragestellungen als Grundlage für die Entwicklung eigener Lösungsansätze. Dazu kennen die Studierenden die Grundlagen der Proteinstrukturbestimmung und die Möglichkeiten des Proteindesigns. Die Studierenden verstehen die verschiedenen Methoden zur Charakterisierung von Nanostrukturen inkl. ihrer Stärken und Limitationen und können beurteilen, welche Methoden bei diskutierten Fragestellungen einzusetzen sind. Sie können Methoden zur Anordnung von Nanostrukturen diskutieren und die kollektiven Eigenschaften von Nanomaterialien erklären. Die Studierenden haben gelernt, mögliche Anwendungen von biohybriden Nanostrukturen zu analysieren und können auswählen, welche Bausteine für die jeweilige Anwendung geeignet sind.
Inhalte	Biom mineralization and bio-template-based synthesis of nanostructures Biomolecules (proteins, DNA) as building blocks for nanomaterials Protein and enzyme design Methods for protein structure elucidation, especially protein crystallography Inorganic nanoparticle synthesis Characterization of nanostructures using modern methods such as SAXS, DLS, SANS, electron microscopy, synchrotron methods Collective properties of nanomaterials Arrangement of nanoscale building blocks into ordered structures Applications of biohybrid nanostructures
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Biohybrid Nanostructures – Vorlesungsmodul: 2 SWS
Unterrichtssprache	Englisch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Einführende Veranstaltungen der Anorganischen und Physikalischen Chemie und Biochemie
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 2
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Mündliche Prüfung Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Biohybrid Nanostructures – Vorlesungsmodul: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Häufigkeit des Angebots	Sommersemester, jährlich
-------------------------	--------------------------

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Einführung in die Medizinische Chemie
Sigle	CHE 356
Qualifikationsziele	Die Studierenden kennen und verstehen grundlegende Fachbegriffe und Problemstellungen der Medizinischen Chemie. Sie verstehen die grundlegenden Prinzipien, die die Wechselwirkung von Arzneistoffen mit den molekularen Zielstrukturen im menschlichen Organismus bestimmen und beeinflussen und können Beispiele aus diesem Bereich benennen und interpretieren. Die Studierenden kennen verschiedene Techniken, die von medizinischen Chemikern im Rahmen der Wirkstoffentwicklung, insbesondere bei der Leitstrukturfindung und -optimierung, angewendet werden.
Inhalte	Es wird eine kurze Einführung in die Medizinische Chemie gegeben. Dabei werden eingesetzte Arbeitstechniken vorgestellt und an ausgewählten Beispielen werden Grundsätze und Vorgehensweisen erarbeitet. Themen sind: Grundlagen der Arzneistoffwirkung; Angriffsorte für Arzneistoffe; Wechselwirkungen zwischen Wirkstoffen und biologischen Systemen; Agonisten – Antagonisten; Prinzipien der Wirkstoffentwicklung; Beispiele wichtiger Wirkstoffklassen und Zielstrukturen.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Einführung in die Medizinische Chemie: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch, i.d.R. deutsch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Einführende Veranstaltungen der Chemie und Biochemie
Verwendbarkeit des Moduls	Angleichungs-/Übergangsmodule, empfohlenes Semester: 1
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Klausur Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Einführung in die Medizinische Chemie: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	RNA in Health and Disease – Lecture
Sigle	CHE 455 L
Qualifikationsziele	Die Studierenden erlangen Wissen rund um Ribonukleinsäuren (RNA), von Struktur und Funktion bis hin zu Pathologie. Die Studierenden kennen RNA-Struktur-Funktions-Beziehungen, RNA-vermittelte Regulationsmechanismen, RNA-vermittelte Proteinexpression und RNA-basierte Krankheiten. Sie besitzen fundierte Kenntnisse der modernen Methoden zur Analyse von RNAs und fundiertes Wissen über die molekularen Aspekte der RNA-basierten Krankheiten. Die Studierenden lernen das Analysieren von Fachliteratur sowie das Präsentieren und Diskutieren wissenschaftlicher Publikationen.
Inhalte	Von Struktur und Funktion bis hin zu Pathologie der Ribonukleinsäuren (RNA): RNA-Struktur-Funktions-Beziehungen, RNA-vermittelte Regulationsmechanismen, RNA-vermittelte Proteinexpression, RNA-basierte Krankheiten und deren molekulare Aspekte, moderne Methoden zur Analyse von RNAs. Im Seminar hält jede*r Studierende einen Vortrag (Englisch).
Lehr- und Lernformen	Vorlesung RNA in Health and Disease: 1 SWS Seminar RNA in Health and Disease: 1 SWS
Unterrichtssprache	Englisch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Referat im Seminar (50 %) und Klausur, abweichend mündliche Prüfung (50 %). Prüfungssprache: Deutsch oder Englisch, i.d.R. Englisch. Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung RNA in Health and Disease: 1,5 LP Seminar RNA in Health and Disease: 1,5 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Massenspektrometrische Protein- und Proteomanalytik – Vorlesungsmodul
Sigle	CHE 460 A
Qualifikationsziele	Die Studierenden beherrschen die Grundlagen der Massenspektrometrie, können Massenspektren beurteilen, kennen die verschiedenen Typen von Massenspektrometern und ihre Anwendungsgebiete, die aktuellen Methoden der Massenspektrometrie-basierten Proteomanalytik inklusive der Identifizierung und Quantifizierung von Proteomen, sowie Interpretation der biologisch-biochemischen Bedeutung der Ergebnisse und erlangen somit die Fähigkeit, in ihren zukünftigen wissenschaftlichen Projekten die richtigen Proteom-analytischen Techniken zur Beantwortung ihrer wissenschaftlichen Fragestellungen zu treffen.
Inhalte	In der Vorlesung wird zunächst ein Überblick über die massenspektrometrische Proteomanalytik inklusive Begriffserläuterungen, Definitionen und die Geschichte der Proteomanalytik gegeben, bevor detaillierter auf Grundlagen der Massenspektrometrie von Biomolekülen, Identifizierung von Proteinen mittels massenspektrometrischer Proteomanalytik, Strategien der differentiellen quantitativen Proteom-Analytik zur Identifizierung von Biomarkern und zur Entschlüsselung molekularer Mechanismen der Antwort biologischer Systeme (auf Perturbationen z.B. Aktivierung von Signaltransduktionswegen und anderen “Pathways”) eingegangen wird. Die Vorlesung umfasst auch das Kennenlernen von bioinformatischen Schritten zur Prozessierung und Interpretation von Massenspektrometrie-Daten, sowie die Deutung der Ergebnisse für biologisch-biochemische Fragestellungen.
Lehr- und Lernfor- men	Vorlesung Massenspektrometrische Protein- und Proteomanalytik: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: CHE 021 A, CHE 021 B Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Klausur (benotet); Prüfungssprache: Deutsch oder Englisch Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilen	Vorlesung Massenspektrometrische Protein- und Proteomanalytik: 3 LP
Gesamtarbeitsauf- wand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich
-------------------------	--------------------------

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Regenerative Medizin und Tissue Engineering
Sigle	CHE 464
Qualifikationsziele	Die Studierenden beherrschen die Grundlagen der regenerativen Medizin, erkennen interdisziplinäre Zusammenhänge und können das Fachgebiet auch gesellschaftlich einordnen.
Inhalte	In der Vorlesung werden biotechnologische Verfahren in der regenerativen Medizin, insbesondere Methoden des Tissue Engineering, d.h. die Gewinnung künstlicher Organe und deren Anwendung, behandelt. Dazu gehören zellbiologische Aspekte (Zellphysiologie, biochemische Grundlagen, Stoffkreisläufe, spezifische Anforderungen an die Zellkultivierung in vitro), Biomaterialien, Reaktionstechnische Grundlagen (Anforderungen der Zellkultivierung an Kultivierungssysteme, Beispiele für die apparative Gestaltung, mathematische Modellierung, Prozessführung, Regelungstechnik). Im Seminar werden Anwendungsbeispiele wie Verfahren der Gentherapie, künstliche Haut, extrakorporale Leberersatzsysteme, künstliche Gefäße oder Knorpel detailliert behandelt.
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Grundlagen der Regenerativen Medizin und des Tissue Engineering: 2 SWS Seminar Anwendungsbeispiele der Regenerativen Medizin und des Tissue Engineering: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch, i.d.R. deutsch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Keine Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Eine erfolgreiche Teilnahme am Seminar ist Voraussetzung für die schriftliche Abschlussprüfung. Modulprüfung und -sprache: Referat im Seminar (50 % der Gesamtbewertung) und schriftliche Prüfung (Klausur, 90 Minuten, 50 % der Gesamtbewertung) Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Grundlagen der Regenerativen Medizin und des Tissue Engineering: 3 LP Seminar Anwendungsbeispiele der Regenerativen Medizin und des Tissue Engineering: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	6 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Wintersemester, jährlich

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

Titel	Einführung in die Zell- und Gentherapie
Sigle	CHE 466
Qualifikationsziele	Die Studierenden beherrschen die allgemeinen Grundlagen der Zell- und Gentherapie und haben einen Überblick über den aktuellen Stand der Forschung und die Anwendung.
Inhalte	Einführung in die Zell- und Gentherapie Vektoren (allgemein) Retro- und Lentivirale Vektoren Gentherapie bei monogenischen Erbkrankheiten Gentherapie bei HIV/AIDS Krebsgentherapie: Suizidgentherapie & Onkolyse Krebsgentherapie: Immuntherapie Genome editing Gentherapie Muskel Gentherapie Neurologischer Erkrankungen Gentherapie Auge Genmarkierung und Hämatopoetische Stammzelltransplantation Klinische Translation und ethische Fragen
Lehr- und Lernformen	Vorlesung Einführung in die Zell- und Gentherapie: 2 SWS
Unterrichtssprache	Deutsch oder Englisch, i.d.R. deutsch
Voraussetzungen für die Teilnahme	Verbindlich: Grundkenntnisse der Zellbiologie und Biochemie Empfohlen: Keine
Verwendbarkeit des Moduls	Wahlpflicht Lebenswissenschaften, empfohlenes Semester: 2,3
Modulabschluss	Voraussetzung und Studienleistungen: Keine Modulprüfung und -sprache: Klausur Benotung: Die Modulprüfung wird differenziert benotet.
Arbeitsaufwand in den einzelnen Modulteilern	Vorlesung Einführung in die Zell- und Gentherapie: 3 LP
Gesamtarbeitsaufwand des Moduls	3 LP
Dauer	Ein Semester
Häufigkeit des Angebots	Jedes Semester

Entwurf - MIN-FAR-Vorlage

**Zu § 23:
Inkrafttreten**

Diese Fachspezifischen Bestimmungen treten am Tage nach der Veröffentlichung in den Amtlichen Bekanntmachungen der Universität Hamburg in Kraft. Sie gelten erstmals für Studierende, die ihr Studium zum Wintersemester 2026/2027 aufnehmen.

Hamburg, den XX. Monat 2026
Universität Hamburg