

Studienordnung für den Masterstudiengang Bioinformatik der Fachbereiche Biologie, Chemie, Pharmazie sowie Mathematik und Informatik der Freien Universität Berlin und der Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin

Präambel

Aufgrund von § 14 Abs. 1 Nr. 2 der Teilgrundordnung (Erprobungsmodell) der Freien Universität Berlin vom 27. Oktober 1998 (FU-Mitteilungen Nr. 24/1998) und § 9 Abs. 1 Nr. 1 des Berliner Universitätsmedizingesetzes vom 5. Dezember 2005 (GVBl. S. 739) i. V. m. § 74 des Berliner Hochschulgesetzes in der Fassung vom 26. Juli 2011 (GVBl. S. 378) hat die vom Fachbereich Mathematik und Informatik der Freien Universität Berlin, vom Fachbereich Biologie, Chemie, Pharmazie der Freien Universität Berlin und von der Fakultät der Charité - Universitätsmedizin Berlin (Charité) eingesetzte Gemeinsame Kommission Bioinformatik am 6. Juni 2012 folgende Studienordnung für den Masterstudiengang Bioinformatik erlassen:¹

Inhaltsverzeichnis

- § 1 Geltungsbereich
- § 2 Qualifikationsziele
- § 3 Studieninhalte
- § 4 Aufbau und Gliederung
- § 5 Lehr- und Lernformen
- § 6 Auslandsstudium
- § 7 Inkrafttreten und Übergangsregelung

Anlagen

- Anlage 1: Modulbeschreibungen
- Anlage 2: Exemplarische Studienverlaufspläne

¹ Die für Hochschulen zuständige Senatsverwaltung hat die Studienordnung am **TT. Monat 2012** zur Kenntnis genommen.

§ 1 Geltungsbereich

(1) Diese Ordnung regelt Ziele, Inhalt und Aufbau des Masterstudiengangs Bioinformatik der Fachbereiche Biologie, Chemie, Pharmazie sowie Mathematik und Informatik der Freien Universität Berlin und der Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin (Masterstudiengang) auf Grundlage der Prüfungsordnung für den Masterstudiengang vom 6. Juni 2012. Zuständig für die Organisation von Lehre und Studium ist die vom Fachbereich Mathematik und Informatik der Freien Universität Berlin, vom Fachbereich Biologie, Chemie, Pharmazie der Freien Universität Berlin und von der Fakultät der Charité eingesetzte Gemeinsame Kommission Bioinformatik.

(2) Es handelt sich um einen konsekutiven Masterstudiengang gemäß § 23 Abs. 3 Nr. 1 a) BerlHG.

§ 2 Qualifikationsziele

(1) Die Absolventinnen und Absolventen kennen wesentliche Fragestellungen der modernen Bioinformatik sowie die zugehörigen mathematischen, informatischen und biomedizinischen Grundlagen. Sie sind fähig, Problemstellungen der Bioinformatik eigenständig zu analysieren, unterschiedliche methodische Ansätze zu vergleichen und ihre Vor- und Nachteile zu beurteilen. Die Absolventinnen und Absolventen sind in der Lage, für eine Problemstellung unter verschiedenen Möglichkeiten einen passenden Ansatz auszuwählen, selbständig eine Lösung zu entwickeln und die Ergebnisse in einem interdisziplinären Kontext zu vertreten. Sie sind zu einer selbständigen Forschungs- und Entwicklungstätigkeit im Bereich der Bioinformatik befähigt.

(2) Neben ihrer fachlichen Qualifikation verfügen die Absolventinnen und Absolventen über Team-, Kommunikations- und Transferfähigkeiten und sind mit Gender- und Diversityaspekten vertraut.

(3) Die Absolventinnen und Absolventen sind auf eine fachliche Leitungsfunktion in unterschiedlichen Tätigkeitsfeldern vorbereitet. Dazu gehören beispielsweise die Bereiche Pharmazie, Medizin, Biotechnologie und entsprechende Einrichtungen in Industrie, Forschung und Verwaltung. Darüber hinaus besteht die Möglichkeit, im Rahmen einer Promotion eine weitere akademische Qualifikation zu erwerben.

§ 3 Studieninhalte

(1) Der Masterstudiengang ist eine direkte Antwort auf einen sich im Gang befindlichen Paradigmenwechsel in der Medizin und den Biowissenschaften. Die weitere Forschung in diesen Gebieten wird immer mehr auf der Auswertung biologischer Massendaten beruhen. Dabei ist der Einsatz von Rechnern, verbunden mit akkuraten mathematischen Modellen und effizienten Algorithmen, unumgänglich. Durch eine vertiefte Ausbildung in den entsprechenden Teilgebieten der Mathematik, Informatik, Biologie und Medizin vermittelt der Studiengang die notwendigen Kompetenzen, relevante biologische Fragestellungen zu erkennen, dafür angemessene mathematische oder informatische Lösungen zu entwickeln und die Ergebnisse im biologischen Kontext richtig zu interpretieren.

(2) Die Studentinnen und Studenten lernen die Inhalte und Arbeitsweise forschungsnaher Studiengebiete kennen. Neben fachlichen Kompetenzen in der Bioinformatik werden ihnen überfachliche Fähigkeiten und Schlüsselqualifikationen im Hinblick auf eine spätere Forschungstätigkeit oder Leitungsfunktion vermittelt.

§ 4 Aufbau und Gliederung

(1) Der Masterstudiengang im Umfang von 120 Leistungspunkten (LP) gliedert sich in einen Pflichtbereich im Umfang von 40 LP, einen Wahlpflichtbereich im Umfang von 50 LP und die Masterarbeit mit Präsentation der Ergebnisse im Umfang von 30 LP.

(2) Im Rahmen des Pflichtbereichs im Umfang von 40 LP sind die folgenden Module zu absolvieren:

1. Algorithmen (6 LP)
2. Genomik (6 LP)
3. Numerik (6 LP)
4. Optimierung (6 LP)
5. Statistik (6 LP)
6. Forschungspraktikum (10 LP)

(3) Der Wahlpflichtbereich im Umfang von 50 LP gliedert sich in Kernmodule und Praxismodule, sowie in Forschungsmodule wie folgt:

1. Es werden folgende Kernmodule angeboten, von denen zwei Kernmodule zu wählen und zu absolvieren sind:

1. Biodiversität und Evolution (10 LP)
2. Medizinische Bioinformatik (10 LP)
3. Netzwerkanalyse (10 LP)
4. Physiologie (10 LP)
5. Sequenzanalyse (10 LP)
6. Strukturelle Bioinformatik (10 LP)

2. Es werden folgende Praxismodule angeboten, von denen zwei Praxismodule zu wählen und zu absolvieren sind:

1. Aktuelle zellphysiologische Fragestellungen (5 LP)
2. Angewandte Sequenzanalyse (5 LP)
3. Messung und Analyse physiologischer Prozesse (5 LP)
4. Rechnergestützte Systembiologie (5 LP)
5. Umweltmetagenomik (5 LP)
6. Aktuelle Fragestellungen aus der medizinischen Genomik (5 LP)
7. Aktuelle Fragen der strukturellen Bioinformatik (5 LP)

3. Es werden folgende Forschungsmodule angeboten, von denen ein Forschungsmodul zu wählen und zu absolvieren sind:

1. Forschungsmodul A (20 LP)
2. Forschungsmodul B (20 LP)

Die Module des Wahlpflichtbereichs werden in unregelmäßiger Reihenfolge angeboten. In jedem Sommersemester werden mindestens drei Kernmodule und gleichzeitig oder im Wintersemester mindestens drei Praxismodule angeboten. Die Forschungsmodule werden in jedem Semester angeboten.

(4) Über Inhalte und Qualifikationsziele, Lehr- und Lernformen, den zeitlichen Arbeitsaufwand, die Formen der aktiven Teilnahme, die Regeldauer und die Angebotshäufigkeit informieren für jedes Modul die Modulbeschreibungen in der Anlage 1.

(5) Über den empfohlenen Verlauf des Studiums unterrichten die exemplarischen Studienverlaufspläne in der Anlage 2.

§ 5 Lehr- und Lernformen

Im Masterstudiengang werden folgende Lehr- und Lernformen angeboten:

1. In Vorlesungen werden die Inhalte der jeweiligen Veranstaltung von der Lehrkraft vorgetragen und erläutert. Die Lehrkräfte vermitteln Lehrinhalte unter Hinweis auf Fachliteratur und regen zu eigenem Arbeiten und kritischem Denken an.
2. Übungen finden in der Regel begleitend zur Vorlesung in kleinen Gruppen statt. In den Übungsgruppen werden die Inhalte der Vorlesung schwerpunktmäßig wiederholt und die praktische Anwendung des Gelernten anhand von Übungsaufgaben eingeübt.
3. Seminare dienen der exemplarischen Einarbeitung in Inhalte, Theorien und Methoden von Vertiefungsgebieten der Bioinformatik anhand überschaubarer Themenbereiche. Im Seminar werden unter Anleitung einer Lehrkraft Lehrinhalte von Studentinnen und Studenten anhand von Fachliteratur und empirischen Erkenntnissen erarbeitet, präsentiert und diskutiert.
4. In Praxisseminaren arbeiten die Studentinnen und Studenten unter Anleitung allein oder in Kleingruppen an umfangreichen praktischen oder wissenschaftlichen Problemstellungen. Bei der Bearbeitung eines Projektes steht der Prozess der Lösungsfindung, also die praktische Anwendung geeigneter Techniken und Verfahrensweisen unter Verwendung wissenschaftlicher Erkenntnisse und Methoden im Mittelpunkt. Darüber hinaus werden überfachliche Qualifikationen wie Team-, Kommunikations- und Transferfähigkeiten erworben sowie ein verantwortliches und geschlechtersensibles Handeln eingeübt.

§ 6 Auslandsstudium

- (1) Den Studentinnen und Studenten wird ein Auslandsstudienaufenthalt empfohlen. Im Rahmen des Auslandsstudiums sollen Studien- und Prüfungsleistungen (Leistungen) erbracht werden, die auf diesen Studiengang anrechenbar sind.
- (2) Dem Auslandsstudium soll der Abschluss einer Vereinbarung zwischen der Studentin oder dem Studenten, der oder dem Vorsitzenden des Prüfungsausschusses sowie der zuständigen Stelle der im Ausland ansässigen wissenschaftlichen Institution über die Dauer des Auslandsaufenthalts, über die im Rahmen des Auslandsaufenthalts zu erbringenden Leistungen, die gleichwertig zu den Leistungen im Masterstudiengang sein müssen, sowie die den Leistungen zugeordneten Leistungspunkte vorausgehen. Vereinbarungsgemäß erbrachte Leistungen werden angerechnet.
- (3) Als geeigneter Zeitpunkt für einen Auslandsaufenthalt wird das zweite oder dritte Fachsemester des Masterstudiengangs empfohlen.

§ 7 Inkrafttreten und Übergangsbestimmungen

- (1) Diese Ordnung tritt am Tage nach ihrer Veröffentlichung in den FU-Mitteilungen (Amtsblatt der Freien Universität Berlin) und im Mitteilungsblatt der Fakultät der Charité - Universitätsmedizin Berlin (Charité) in Kraft.
- (2) Gleichzeitig tritt die Studienordnung für den Masterstudiengang vom 20. Juni 2007 (FU-Mitteilungen Nr. 53/2007, S. 1182) außer Kraft.
- (3) Diese Ordnung gilt für Studentinnen und Studenten, die nach Inkrafttreten dieser Ordnung im Masterstudiengang an der Freien Universität Berlin immatrikuliert werden. Studentinnen und Studenten, die vor dem Inkrafttreten dieser Ordnung für den Masterstudiengang an der Freien Universität Berlin immatrikuliert wurden, setzen das Studium auf der Grundlage der Studienordnung für den Masterstudiengang gemäß Abs. 2 fort, sofern sie nicht beim Prüfungsausschuss die Fortsetzung auf der Grundlage der vorliegenden Ordnung beantragen. Anlässlich der auf den Antrag hin erfolgenden Umschreibung entscheidet der Prüfungsausschuss über den Umfang der Berücksichtigung von zum Zeitpunkt der Antragstellung bereits begonnenen oder abgeschlossenen Modulen oder über deren Anrechnung auf nach Maßgabe dieser Ordnung zu erbringende Leistungen, wobei den

Erfordernissen von Vertrauensschutz und Gleichbehandlungsgebot Rechnung getragen wird. Die Umschreibung ist nicht revidierbar.

(4) Die Möglichkeit des Studienabschlusses auf der Grundlage der Studienordnung gemäß Abs. 2 wird bis zum Ende des Sommersemesters 2014 gewährleistet.

Anlage 1: Modulbeschreibungen

Erläuterungen:

Die folgenden Modulbeschreibungen benennen für jedes Modul des Masterstudiengangs

- die Bezeichnung des Moduls
- Inhalte und Qualifikationsziele des Moduls
- Lehr- und Lernformen des Moduls
- den studentischen Arbeitsaufwand, der für die erfolgreiche Absolvierung eines Moduls veranschlagt wird
- Formen der aktiven Teilnahme
- die Regeldauer des Moduls

Die Angaben zum zeitlichen Arbeitsaufwand berücksichtigen insbesondere

- die aktive Teilnahme im Rahmen der Präsenzstudienzeit
- den Arbeitszeitaufwand für die Erledigung kleinerer Aufgaben im Rahmen der Präsenzstudienzeit
- die Zeit für eine eigenständige Vor- und Nachbereitung
- die Bearbeitung von Studieneinheiten in den Online-Studienphasen
- die unmittelbare Vorbereitungszeit für Prüfungsleistungen
- die Prüfungszeit selbst.

Die Zeitangaben zum Selbststudium (unter anderem Vor- und Nachbereitung, Prüfungsvorbereitung) stellen Richtwerte dar und sollen den Studentinnen und Studenten Hilfestellung für die zeitliche Organisation ihres modulbezogenen Arbeitsaufwands liefern.

Die Angaben zur Arbeitsaufwand korrespondieren mit der Anzahl der dem jeweiligen Modul zugeordneten Leistungspunkte als Maßeinheit für den studentischen Arbeitsaufwand, der für die erfolgreiche Absolvierung des Moduls in etwa zu erbringen ist.

Die aktive Teilnahme ist neben der regelmäßigen Teilnahme an den Lehr- und Lernformen und der erfolgreichen Absolvierung der Prüfungsleistungen eines Moduls Voraussetzung für den Erwerb der dem jeweiligen Modul zugeordneten Leistungspunkte. Bei Modulen ohne Modulprüfung ist die aktive Teilnahme neben der regelmäßigen Teilnahme an den Lehr- und Lernformen Voraussetzung für den Erwerb der dem jeweiligen Modul zugeordneten Leistungspunkte.

Die Anzahl der Leistungspunkte sowie weitere prüfungsbezogene Informationen zu jedem Modul sind der Anlage 1 der Prüfungsordnung für den Masterstudiengang zu entnehmen.

1. Pflichtbereich

Modul: Algorithmen			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Informatik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten besitzen ein tieferes Verständnis für mathematische Konzepte und Methoden in der fortgeschrittenen Algorithmik vor dem Hintergrund aktueller Forschungsrichtungen der Bioinformatik. Sie kennen weiterführende Werkzeuge zur Entwicklung und Analyse von deterministischen und randomisierten Algorithmen. Sie können die Konzepte selbständig erkennen und die Analysemethoden selbst auf verwandte Probleme anwenden.			
Inhalte: Einführung in verschiedene Arten von Algorithmen und Analysemethoden, fortgeschrittene Graph-Algorithmen, Analyse von randomisierten Datenstrukturen und Algorithmen sowie Hashing-Algorithmen			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 60
Übung	2	Bearbeiten der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 40 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung: ja	
Arbeitszeitaufwand insgesamt		180 Stunden	6 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Wintersemester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Genomik			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben ein tieferes Verständnis für grundlegende algorithmische Konzepte im Bereich der Analyse genomischer Sequenzen vor dem Hintergrund aktueller Forschungsrichtungen der Bioinformatik und Biotechnologie. Sie können erkennen, welche Datenstrukturen und Algorithmen in welchem Fall adäquat sind und selbstständig diese Erkenntnisse in ähnlichen Situationen anwenden.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Paradigmen für approximative, semiglobale alignments (read mapping) - Methoden zur Genom Assemblierung und Metagenom Assemblierung - Methoden zum Bestimmen genetischer Variationen (SNVs, SNPs, CNVs) - Algorithmische Probleme bei der Quantifizierung mit Hilfe von NGS Daten			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	Bearbeiten von Testaten	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 50
Übung	2	Bearbeiten der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 50 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung: ja	
Arbeitszeitaufwand insgesamt		180 Stunden	6 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Wintersemester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Numerik			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Mathematik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten besitzen ein tieferes Verständnis für fortgeschrittene mathematische Konzepte und Methoden im Bereich der numerischen Lösung von Differentialgleichungen vor dem Hintergrund aktueller Forschungsrichtungen der Bioinformatik und Systembiologie. Die Studentinnen und Studenten sind in der Lage, problemspezifische numerische Methoden auszuwählen, diese in der Praxis anzuwenden und die Qualität der Ergebnisse zu beurteilen.			
Inhalte: Methoden der Modellierung; chemische Reaktionskinetik, steife Anfangswertprobleme für gewöhnliche Differentialgleichungen (asymptotisches Lösungsverhalten, Stabilität, Testgleichungen), Differentiell-algebraische Gleichungen (Grundbegriffe, Index) sowie Parameteridentifizierung			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 60
Übung	2	Bearbeitung der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 40 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung: ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		180 Stunden	6 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Wintersemester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Optimierung			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Mathematik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben ein tieferes Verständnis für fortgeschrittene mathematische Konzepte und Methoden in der diskreten Mathematik und angewandten Optimierungsverfahren. Sie sind in der Lage, diskrete mathematische Modelle für Probleme aus der Bioinformatik und Systembiologie zu entwickeln, geeignete Algorithmen zu ihrer Lösung einzusetzen und die Ergebnisse zu analysieren.			
Inhalte: Lineare Programmierung, Simplex-Algorithmus, Dualität, Ganzzahlige lineare Programmierung, Branch-and-bound, Schnittebenen, Branch-and-Cut, Constraintprogrammierung, Lokale Suche und Metaheuristiken			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 60
Übung	2	Bearbeitung Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 40 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung: ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		180 Stunden	6 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Wintersemester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Statistik			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben ein tieferes Verständnis für fortgeschrittene mathematische Konzepte und Methoden im Bereich der statistischen Analyse vor dem Hintergrund aktueller Forschungsrichtungen der Bioinformatik und Systembiologie. Sie kennen algorithmische und statistische Ansätze insbesondere den theoretischen Hintergrund von MCMC (Markov-Chain Monte-Carlo) Methoden und sind in der Lage, diese anzuwenden.			
Inhalte: Einführung in die Theorie der Markovketten, wichtige MCMC Methoden (Gibbs Sampler, Metropolis Hastings Algorithmus, Barker Algorithmus), Einführung in den EM Algorithmus, Theorie und Anwendung der False Discovery Rate			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 60
Übung	2	Bearbeitung der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 40 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung: ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		180 Stunden	6 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Wintersemester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Forschungspraktikum			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Mathematik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben praktische Forschungserfahrung im Bereich der Bioinformatik oder in angrenzenden Gebieten gesammelt und können Lerninhalte des Studiums in der Forschungspraxis anwenden. Sie haben Erfahrung in der Projektkoordination und -abwicklung und sind in der Lage, im Team zu arbeiten.			
Inhalte: Aktuelle Forschungsthemen aus dem Bereich der Bioinformatik.			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Stunden)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Praktikum	270	Praktikumsbericht und Abschlussvortrag	Durchführen des Praktikums 270 Vor- und Nachbereitung 30
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		300 Stunden	10 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Semester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

2. Wahlpflichtbereich

a) Kernmodule

Modul: Biodiversität und Evolution			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Biologie, Chemie, Pharmazie/ Biologie			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben einen Überblick über die Verwendung von Next Generation Sequencing (NGS) in der modernen Biodiversitätsforschung. Sie wissen, wie die Evolution von Genen und Genomen vonstättgeht und kennen die Grundlagen zur Analyse von Metagenomen und Metatranskriptomen und deren praktische Anwendung. Die Studentinnen und Studenten wissen, welche informatischen Methoden in der heutigen Biodiversitätsforschung verwendet werden und können beurteilen, für welche Anwendungen in den genannten Gebieten welche Methoden verwendet werden.			
Inhalte: - Genomevolution , <i>Tree of life</i> , Evolution von Populationen - Evolutionsmodelle, Phylogenie, <i>Coalescent</i> Theorie - Aktuelle Anwendungen von NGS in der Biodiversitätsforschung (z.B. SNPs, Epigenetik, Markergene, <i>ancient DNA</i> , DNA-Taxonomie) - Metagenomik: Struktur und Funktion natürlicher Gemeinschaften			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 45 Vorlesung
Übung	1	Bearbeitung der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 15 Vor- und Nachbereitung Übung 60
Seminar	2	Seminarvortrag	Präsenzzeit Seminar 30 Vor- und Nachbereitung 60 Seminar Prüfungsvorbereitung und Prüfung 60
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja	
Arbeitszeitaufwand insgesamt		300 Stunden	10 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		unregelmäßig	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Medizinische Bioinformatik			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité - Universitätsmedizin Berlin			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Den Studentinnen und Studenten haben ein tieferes Verständnis für grundlegende Konzepte im Bereich der medizinischen Bioinformatik und Genomik vor dem Hintergrund aktueller Forschungsrichtungen der Bioinformatik und Biotechnologie. Sie verstehen die verschiedenen Fragestellungen und Ziele der biomedizinischen Genomanalyse. Sie wissen, welche Ergebnisse aus welchen klinischen Daten abgeleitet werden können und können computergestützte Vorhersagen im klinischen und wissenschaftlichen Kontext angemessen beurteilen.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Kopplungsungleichgewicht (LD), Kopplungsanalyse, Assoziationsanalysen - Ontologien, semantische Analyse, integrative Analyse biomedizinischer Daten - Analyse medizinisch relevanter Hochdurchsatzsequenzierdaten - Exom- und Genomsequenzierung, Interpretation und Bewertung von Sequenzvarianten. Analyse von RNA-Expressionsdaten und epigenomischen Daten in einem biomedizinischen Kontext			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	Bearbeiten von Testaten	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 70 Vorlesung

Übung	2	Bearbeiten der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung Bearbeitung der Übungsaufgaben	30 30
Seminar	2	Seminarvortrag	Präsenzzeit Seminar Vor- und Nachbereitung Seminar Prüfungsvorbereitung und Prüfung	30 80 30
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch		
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja		
Arbeitszeitaufwand insgesamt		300 Stunden		10 LP
Dauer des Moduls		ein Semester		
Häufigkeit des Angebots		unregelmäßig		
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik		

Modul: Netzwerkanalyse			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Mathematik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben ein vertieftes Verständnis grundlegender mathematischer und algorithmischer Konzepte im Bereich der Modellierung, Simulation und Analyse molekularer Netzwerke vor dem Hintergrund aktueller Forschungsrichtungen der Systembiologie und Biotechnologie. Die Studentinnen und Studenten kennen die grundlegenden Verfahren zur Modellierung molekularer Netzwerke. Sie sind in der Lage, eine gegebene biologische oder medizinische Fragestellung zu analysieren, einen geeigneten Modellierungsansatz auszuwählen, eigenständig eine Problemlösung zu entwickeln sowie die Ergebnisse zu beurteilen und zu kommunizieren.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Modellierung biochemischer Netzwerke mit gewöhnlichen Differentialgleichungen - Diskrete Modellierung regulatorischer Netzwerke - Constraintbasierte Modellierung - Stochastische und hybride Modellierung			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochenstunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	Bearbeiten von Testaten	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 70 Vorlesung
Übung	2	Bearbeiten der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 30
Seminar	2	Seminarvortrag	Präsenzzeit Seminar 30 Vor- und Nachbereitung 80 Seminar Prüfungsvorbereitung und Prüfung 30
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja	
Arbeitszeitaufwand insgesamt		300 Stunden	10 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		unregelmäßig	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Physiologie	
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin	
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls	
Zugangsvoraussetzungen: keine	

Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten sind in der Lage zu weitgehend selbstständiger wissenschaftlicher Arbeit in den an der Charité vertretenen, aktuellen Forschungsschwerpunkten im Bereich Physiologie und Systembiologie. Sie können physiologische und biologische Experimente aus den genannten Themenbereichen fachgerecht durchführen, auswerten, interpretieren und bewerten. Die Studentinnen und Studenten sind in der Lage, verschiedene Methoden und Modelle zur Erfassung und Analyse physiologischer Signale anzuwenden, zu vergleichen, zu modifizieren und angemessen zu beurteilen. Sie können ihre Ergebnisse in angemessener Form darstellen und diskutieren.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Biomedizinische Schlüsseltechnologien in Physiologie und Pathophysiologie: Theoretische und praktische Kenntnisse zentraler Methoden werden erarbeitet und auf Fragestellungen der Physiologie und Pathophysiologie angewendet. - Analyse biologischer Anpassungsvorgänge: Die Bedeutung molekularer Mechanismen für biologische Adaptation wird experimentell und mit Hilfe von mathematischen Simulationsmethoden analysiert. - Biometrie und Analyse physiologischer Signale: Komplexe physiologische Signale werden erhoben, mit linearen, nichtlinearen und nichtstationären Methoden analysiert und in ihrer biologischen Bedeutung interpretiert und bewertet.			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochenstunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 60 Vorlesung
Übung	2	Bearbeitung der Übungs- und Praktikumsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 60
Seminar	2	Seminarvortrag	Präsenzzeit Seminar 30 Vor und Nachbereitung Seminar 60 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 30
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja	
Arbeitszeitaufwand insgesamt		300 Stunden	10 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		unregelmäßig	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Sequenzanalyse			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Informatik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben ein tieferes Verständnis für grundlegende algorithmische Konzepte im Bereich der Analyse genomischer Sequenzen vor dem Hintergrund aktueller Forschungsrichtungen der Bioinformatik und Biotechnologie. Sie verstehen verschiedene Paradigmen zur approximativen Suche, sie wissen, unter welchen Voraussetzungen bestimmte Algorithmen anderen vorzuziehen sind, und können wissenschaftliche Publikationen auf dem Gebiet entsprechend einschätzen.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Paradigmen für approximative, semiglobale Alignments (read mapping) - Methoden zur Genom Assemblierung und Metagenom Assemblierung - Methoden zum Bestimmen genetischer Variationen (SNVs, SNPs, CNVs) - Algorithmische Probleme bei der Quantifizierung mit Hilfe von NGS Daten			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochenstunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	Bearbeiten von Testaten	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 70 Vorlesung
Übung	2	Bearbeiten der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 30
Seminar	2	Seminarvortrag	Präsenzzeit Seminar 30 Vor- und Nachbereitung Seminar 80 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 30

Veranstaltungssprache	Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme	Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja	
Arbeitszeitaufwand insgesamt	300 Stunden	10 LP
Dauer des Moduls	ein Semester	
Häufigkeit des Angebots	unregelmäßig	
Verwendbarkeit	Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Strukturelle Bioinformatik			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten kennen die aktuellen und forschungsnahen Algorithmen zur Analyse biologischer Strukturen. Sie sind in der Lage, Stärken und Schwächen verschiedener Herangehensweisen einzuschätzen und können selbständig einordnen, bei welchem Analyseproblem welche Algorithmen adäquat sind.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Struktur, Funktion und Dynamik von Proteinen - Algorithmen zur molekularen Ähnlichkeit und ihre Anwendung - Methoden zur Berechnung (multipler) lokaler und globaler Struktur-Alignements - Docking von organischen Kleinstrukturen an Proteine sowie Protein-Protein Docking			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochenstunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 70
Übung	2	Bearbeitung der Übungsaufgaben	Präsenzzeit Übung 30 Bearbeitung der Übungsaufgaben 30
Seminar	2	Seminarvortrag	Präsenzzeit Seminar 30 Vor- und Nachbereitung 80 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 30
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		300 Stunden	10 LP
Dauer des Moduls		zwei Semester	
Häufigkeit des Angebots		unregelmäßig	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

b) Praxismodule

Modul: Aktuelle zellphysiologische Fragestellungen			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten kennen verschiedene elektrophysiologische, molekularbiologische und optische Messmethoden und können sie auf eine physiologische Fragestellung aus der aktuellen Forschung anwenden. Sie sind in der Lage, die Ergebnisse zu evaluieren und mit erstellten Computermodellen zu vergleichen und zu bewerten. Die Studentinnen und Studenten können Vorteile und Limitationen verschiedener Methoden gegeneinander abwägen und die Übertragbarkeit der verwendeten Computermodelle auf zelluläre Systeme kritisch einschätzen.			
Inhalte: Anhand einer zellphysiologischen Fragestellung werden, u.a. anhand von Computermodellen, experimentelle Lösungsansätze entwickelt. Im experimentellen Teil können folgende Techniken zum Einsatz kommen: - Impedanzspektroskopie - Polymerase-Kettenreaktion (PCR) - Sequenzierung - Transformation - Transfektion - Western-Blot - Konfokale Laserscanningmikroskopie			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochenstunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)

Praxisseminar	4	Bearbeitung der Aufgaben Darstellung der Ergebnisse	Präsenzzeit	60
			Vor- und Nachbereitung	70
			Prüfungsvorbereitung und Prüfung	20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch		
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		ja		
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		150 Stunden	5 LP	
Dauer des Moduls		ein Semester		
Häufigkeit des Angebots		jedes Semester		
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik		

Modul: Angewandte Sequenzanalyse			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Informatik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten können Standardprogramme im Bereich der Sequenzanalyse selbständig benutzen. Sie kennen die verschiedenen Konzepte und sind in der Lage, ausgewählte Systeme zu bedienen und zu programmieren. Die Studentinnen und Studenten können neue Workflows konzipieren und die Ergebnisse grafisch aufbereiten.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Implementierungen von verteiltem Rechnen - Einbinden von Standardprogrammen in Workflows - Erstellen und Anwenden von Bioinformatik Workflows in bestehenden Systemen			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Praxisseminar	4	Bearbeiten der Aufgaben, Darstellen der Ergebnisse	Präsenzzeit 60 Vor- und Nachbereitung 70 Prüfungsvorbereitung und Prüfung 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		ja	
Arbeitszeitaufwand insgesamt		150 Stunden	5 LP
Dauer des Moduls		ein Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Sommersemester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Messung und Analyse physiologischer Prozesse			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten kennen verschiedene elektrophysiologische, biometrische, mechanische und optische Messmethoden und Probleme telemetrischer und nichtinvasiver Datenaufzeichnung in Labor und Feld. Außerdem kennen sie Methoden der Signalaufbereitung und können sie bei der Analyse physiologischer Prozesse anwenden. Die Studentinnen und Studenten können physiologische und biologische Experimente aus den genannten Themenbereichen fachgerecht durchführen und auswerten. Sie sind in der Lage, Analyseverfahren im Zeit- und Frequenzbereich sowie Verfahren der vertieften Biostatistik angemessen für unterschiedliche Frage- und Problemstellungen auszuwählen, anzuwenden und zu beurteilen.			
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Biosignale und Störquellen - Analyse im Zeit- und Frequenzbereich - Varianzanalysen, lineare und nicht-lineare (multiple) Regressionsanalysen, künstliche neuronale Netzwerke - Körperzusammensetzung (Impedanzspektroskopie, Ganzkörperplethysmographie und Whole-Body Scanning, Stereophotogrammetrie) - Schlaf und zirkadiane Rhythmik - Herzfrequenz- und Blutdruckvariabilität bei körperlichem und mentalem Stress - Elektrookulographie und Elektroencephalographie			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)

	stunden = SWS)			
Praxisseminar	4	Bearbeitung der Aufgaben Darstellung der Ergebnisse	Präsenzzeit Vor- und Nachbereitung Prüfungsvorbereitung und Prüfung	60 70 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch		
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		ja		
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		150 Stunden		5 LP
Dauer des Moduls		ein Semester		
Häufigkeit des Angebots		jedes Wintersemester		
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik		

Modul: Rechnergestützte Systembiologie				
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Mathematik				
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls				
Zugangsvoraussetzungen: keine				
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten haben praktische Erfahrungen bei der Modellierung und Analyse molekularer Netzwerke. Sie kennen unterschiedliche Methoden und Softwarewerkzeuge zur Netzwerkanalyse und sind in der Lage, diese auf konkrete systembiologische Fragestellungen anzuwenden, die Ergebnisse zu interpretieren und sie in einem interdisziplinären Kontext zu kommunizieren.				
Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt: - Simulation biochemischer Reaktionsnetzwerke - Struktur und Dynamik regulatorischer Netzwerke - Metabolic Engineering				
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)	
Praxisseminar	4	Bearbeiten der Aufgaben, Darstellen der Ergebnisse	Präsenzzeit Vor- und Nachbereitung Prüfungsvorbereitung und Prüfung	60 70 20
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch		
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		ja		
Arbeitszeitaufwand insgesamt		150 Stunden		5 LP
Dauer des Moduls		ein Semester		
Häufigkeit des Angebots		jedes Sommersemester		
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik		

Modul: Umweltmetagenomik				
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/Biologie, Chemie, Pharmazie/ Biologie				
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls				
Zugangsvoraussetzungen: keine				
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten können ein Metagenom erstellen und analysieren. Sie wissen, wie Proben zu entnehmen und zu lagern sind. Sie können die Proben selbst für die Analyse vorbereiten und die gewonnenen Daten interpretieren.				
Inhalte: Es werden Themen aus den folgenden Gebieten behandelt: - Umweltprobenahme (z.B. See) - Aufbereitung der Proben im Labor (z.B. DNA-Extraktion, Sequenzierung) - Analyse der Metagenomdaten				
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS))	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)	
Praxisseminar	4	Probenahme, Laborarbeiten, Datenanalyse	Präsenzzeit Vor- und Nachbereitung Prüfungsvorbereitung und	60 70 20

		Prüfung
Veranstaltungssprache	Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme	ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt	150 Stunden	5 LP
Dauer des Moduls	ein Semester	
Häufigkeit des Angebots	jedes Sommersemester	
Verwendbarkeit	Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Aktuelle Fragestellungen aus der medizinischen Genomik	
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin	
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls	
Zugangsvoraussetzungen: keine	

Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten kennen verschiedene informatische und statistische Methoden aus dem Bereich Medizinische Genomik und können sie auf eine integrative genomische Fragestellung aus der aktuellen Forschung anwenden. Sie sind in der Lage, die Ergebnisse zu evaluieren und mit erstellten Computerprogrammen und -skripten zu vergleichen und zu bewerten. Die Studentinnen und Studenten können Vorteile und Limitationen verschiedener Methoden gegeneinander abwägen und die Relevanz der Ergebnisse der Computerprogramme für das Verständnis von biologischen Systemen in medizinischen Kontexten kritisch einschätzen.

Inhalte: Anhand einer genomischen Fragestellung werden anhand von zu erstellenden Computerprogrammen und Skripten informatische Lösungsansätze entwickelt, um Forschungsfragen aus der aktuellen Literatur oder Erweiterungen derselben anzugehen. Ziel ist es zu lernen, wie eine integrative Datenanalyse zum Verständnis von Hochdurchsatzdaten herangezogen werden kann. Die Studentinnen und Studenten sollen Themen aus der aktuellen Literatur erarbeiten und Skripten bzw. Programme entwickeln um Teilaspekte zu prüfen und zu erweitern.

Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)	
Praxisseminar	4	Bearbeitung der Aufgaben Darstellung der Ergebnisse	Präsenzzeit	60
			Vor- und Nachbereitung	70
			Prüfungsvorbereitung und Prüfung	20
Veranstaltungssprache	Englisch, ggf. Deutsch			
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme	ja			
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt	150 Stunden	5 LP		
Dauer des Moduls	ein Semester			
Häufigkeit des Angebots	einmal im Studienjahr			
Verwendbarkeit	Masterstudiengang Bioinformatik			

Modul: Aktuelle Fragen der strukturellen Bioinformatik	
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin und Fakultät der Charité – Universitätsmedizin Berlin	
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls	
Zugangsvoraussetzungen: keine	

Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten verfügen über praktische Erfahrungen in der Anwendung aktueller Algorithmen zur Analyse biologischer Strukturen. Sie erkennen Stärken und Schwächen verschiedener Herangehensweisen und wenden selbständig geeignete Algorithmen auf gegebene Analyseprobleme an.

Inhalte: Es werden vertieft Themen aus folgenden Gebieten behandelt:

- Homologie-Modellierung von Proteinen
- In silico Screening mit anschließender Substanz-Bewertung und -Filterung (ADMETox)
- 3D Überlagerungen, 3D QSAR, Pharmakophor-Suchen
- Verwendung von GOLD und Accelrys zum strukturbasierten Liganden-Design

Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochen- stunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)	
Praxisseminar	4	Bearbeitung der Aufgaben Darstellung der Ergebnisse	Präsenzzeit	60
			Vor- und Nachbereitung	70
			Prüfungsvorbereitung und Prüfung	20
Veranstaltungssprache	Englisch, ggf. Deutsch			

Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme	ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt	150 Stunden	5 LP
Dauer des Moduls	ein Semester	
Häufigkeit des Angebots	einmal im Studienjahr	
Verwendbarkeit	Masterstudiengang Bioinformatik	

c) Forschungsmodule

Modul: Forschungsmodul A			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Mathematik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten kennen aktuelle Themen und Forschungsfragen der Bioinformatik und beherrschen die dazugehörigen Analysetechniken. Sie sind auf eine spätere eigene Forschungstätigkeit vorbereitet. Im Rahmen einer Projektarbeit werden sie angeleitet, gemeinsame Themen der besuchten Lehrveranstaltungen herauszuarbeiten, Zusammenhänge herzustellen und Abgrenzungen vorzunehmen. Sie sind befähigt, unterschiedliche Konzepte und Methoden der Bioinformatik in Beziehung zu setzen und vergleichend zu beurteilen.			
Inhalte: Aktuelle Forschungsthemen aus dem Bereich der Bioinformatik			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochenstunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesungen 60 Vor- und Nachbereitung 120 Vorlesungen
Vorlesung	2		
Übung	1	Bearbeiten der Übungsaufgaben, Seminarvortrag, Projektarbeit	Präsenzzeit Übungen 30 Bearbeitung der 90 Übungsaufgaben
Übung	1		
Seminar	2		Präsenzzeit Seminar 30 Vor- und Nachbereitung 120 Seminar
			Projektarbeit 150
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch	
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja	
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		600 Stunden	20 LP
Dauer des Moduls		ein oder zwei Semester	
Häufigkeit des Angebots		jedes Semester	
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik	

Modul: Forschungsmodul B			
Hochschule/Fachbereich/Institut: Freie Universität Berlin/ Mathematik und Informatik/ Mathematik			
Modulverantwortliche/r: Dozentinnen und Dozenten des Moduls			
Zugangsvoraussetzungen: keine			
Qualifikationsziele: Die Studentinnen und Studenten kennen aktuelle Themen und Forschungsfragen der Bioinformatik und beherrschen die dazugehörigen Analysetechniken. Sie sind auf eine spätere eigene Forschungstätigkeit vorbereitet. Im Rahmen einer Projektarbeit werden sie angeleitet, gemeinsame Themen der besuchten Lehrveranstaltungen herauszuarbeiten, Zusammenhänge herzustellen und Abgrenzungen vorzunehmen. Sie sind befähigt, unterschiedliche Konzepte und Methoden der Bioinformatik in Beziehung zu setzen und vergleichend zu beurteilen.			
Inhalte: Aktuelle Forschungsthemen aus dem Bereich der Bioinformatik.			
Lehr- und Lernformen	Präsenzstudium (Semesterwochenstunden = SWS)	Formen aktiver Teilnahme	Arbeitsaufwand (Stunden)
Vorlesung	2	-	Präsenzzeit Vorlesung 30 Vor- und Nachbereitung 60 Vorlesung
Übung	1		
Seminar	2	Bearbeiten der Übungsaufgaben Seminarvorträge Projektarbeit	Präsenzzeit Übung 15 Bearbeitung der 45 Übungsaufgaben

Seminar	2		Präsenzzeit Seminare Vor- und Nachbereitung Seminare	60 240
			Projektarbeit	150
Veranstaltungssprache		Englisch, ggf. Deutsch		
Pflicht zur regelmäßigen Teilnahme		Vorlesung: Teilnahme wird empfohlen, Übung und Seminar: ja		
Arbeitszeitaufwand/Stunden insgesamt		600 Stunden		20 LP
Dauer des Moduls		ein oder zwei Semester		
Häufigkeit des Angebots		jedes Semester		
Verwendbarkeit		Masterstudiengang Bioinformatik		

Anlage 2: Exemplarische Studienverlaufspläne:

- Beispiel mit Forschungsmodul A:

Semester					
1. 30 LP	Algorithmen 6 LP	Genomik 6 LP	Numerik 6 LP	Optimierung 6 LP	Statistik 6 LP
2. 30 LP	Kernmodul 1 (z. B. Sequenzanalyse) 10 LP	Kernmodul 2 (z.B. Medizinische Bioinformatik) 10 LP	Praxismodul 1 (z.B. Angewandte Sequenzanalyse) 5 LP	Praxismodul 2 (z.B. Umwelt- metagenomik) 5 LP	
3. 30 LP	Forschungspraktikum 10 LP	Forschungsmodul A 20 LP			
4. 30 LP	Masterarbeit inklusive Präsentation 30 LP				

- Beispiel mit Forschungsmodul B:

Semester					
1. 30 LP	Algorithmen 6 LP	Genomik 6 LP	Numerik 6 LP	Optimierung 6 LP	Statistik 6 LP
2. 30 LP	Kernmodul 1 (z.B. Sequenzanalyse) 10 LP	Kernmodul 2 (z.B. Physiologie) 10 LP	Forschungsmodul B 20 LP	Praxismodul 1 (z.B. Angewandte Sequenzanalyse) 5 LP	
3. 30 LP	Forschungspraktikum 10 LP	Praxismodul 2 (z.B. Messung und Analyse physiologischer Prozesse) 5 LP			
4. 30 LP	Masterarbeit inklusive Präsentation 30 LP				