

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	09-202-2410	Wahlpflicht

Modultitel	Modellierung biologischer und molekularer Systeme Vertiefungsmodul
Modultitel (englisch)	Modelling Biological and Molecular Systems In-Depth Module
Empfohlen für:	1./3. Semester
Verantwortlich	Professur Genetische Statistik und biomathematische Modellierung (IMISE)
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Modellierung biologischer und molekularer Systeme" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 100 h Selbststudium = 160 h • Praktikum "Modellierung biologischer und molekularer Systeme" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 50 h Selbststudium = 80 h • Seminar "Modellierung biologischer und molekularer Systeme" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 60 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Bioinformatik • Vertiefungsmodul im M.Sc. Informatik • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Medizininformatik im Wahlpflichtbereich A
Ziele	Studium verschiedener grundlegender und fortgeschrittener Modellierungstechniken (Vorlesung). Erwerb der Fähigkeit zur Beschreibung biologischer Prozesse mittels mathematischer Modelle, deren Umsetzung in Computeralgorithmen und Simulation.
Inhalt	<p>Vorlesung:</p> <p>Vermittlung der Grundlagen der mathematischen Behandlung dynamischer Systeme:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Lineare und nichtlineare Differenzgleichungssysteme - Lineare und nichtlineare gewöhnliche Differentialgleichungssysteme - Stochastische dynamische Modelle - Langzeitverhalten - Anpassungsprobleme - Simulationsmethoden <p>Vermittlung wesentlicher Modellierungstechniken anhand von Anwendungsbeispielen aus den Gebieten:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Populationsdynamik - Zellwachstum und –differenzierung - Pharmakokinetik und –dynamik - Genregulation - Enzymkinetik - Ökologische Modelle (Räuber-Beute-Systeme) <p>Seminar und Praktikum:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Anwendung auf aktuelle Forschungsfragen - Umsetzung eines Modells als praktische Übung am Computer: Erweiterung,

Implementation und Analyse eines mathematischen Modells zu einem vorgegebenen biologischen System. Darstellung der Ergebnisse und Diskussion im Rahmen einer schriftlichen Arbeit

Teilnahmevoraussetzungen

Analysis Grundlagen, Grundlagen der Wahrscheinlichkeitsrechnung, Differentialgleichungen von Vorteil

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Referat (30 Min.) mit schriftlicher Ausarbeitung (2 Wochen), mit Wichtung: 1	Vorlesung "Modellierung biologischer und molekularer Systeme" (4SWS)
Hausarbeit (4 Wochen), mit Wichtung: 2	Praktikum "Modellierung biologischer und molekularer Systeme" (2SWS)
	Seminar "Modellierung biologischer und molekularer Systeme" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	09-202-2413	Wahlpflicht

Modultitel	Statistische Aspekte der Analyse molekularbiologischer und genetischer Daten Vertiefungsmodul
Modultitel (englisch)	Statistical Aspects of the Analysis of Molecular Biological and Genetic Data In-Depth Module
Empfohlen für:	1./3. Semester
Verantwortlich	Professur Genetische Statistik und biomathematische Modellierung (IMISE)
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Genetische Statistik und molekulare Datenanalyse" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 90 h Selbststudium = 150 h • Seminar "Aktuelle Probleme der genetischen Statistik" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 75 h • Übung "Praktische Analyse hochdimensionaler Daten" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 75 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Wahlpflichtmodul im Master Bioinformatik • Vertiefungsmodul im Master Informatik • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Medizininformatik im Wahlpflichtbereich A
Ziele	<p>Nach erfolgreichem Abschluss des Moduls können die Teilnehmenden grundlegende Konzepte und Prinzipien der Genetischen Statistik richtig anwenden. Sie verstehen Probleme molekularer Studienplanung, -durchführung, Datenanalyse und Interpretation. Die Teilnehmenden kennen wichtige Software- und Datenbankressourcen zur Analyse und Interpretation genetischer Daten und können diese anwenden.</p> <p>Die Teilnehmenden haben sich darüber hinaus mit aktuellen Problemen im Bereich der Analyse molekularer Daten selbstständig auseinandergesetzt.</p>
Inhalt	<ul style="list-style-type: none"> - Biologische Grundlagen - Statistische Konzepte in der Genetik - Populationsgenetik - Genetische Studiendesigns + Planung - SNP (single nucleotide polymorphism)-Array Technologie, Prozessierung, Qualitätsanalyse, Analyse von Variationen der Kopienzahl (Copy-number variations) - Genomweite Assoziationsstudien (GWAS) und weitergehende Analysen (z.B. X-Chromosom, Seltene Varianten, Scoring-Methoden, Imputation, Berücksichtigung von Populationsstrukturen, Metaanalysen, Interaktionsanalyse) - Genomische Annotation - Analysetools - Online-Ressourcen - Genexpressionsarray Technologie, Prozessierung, Qualitätsanalyse - Genexpressionsassoziationsanalysen, Genset-Anreicherung - Metabolische Daten (Prozessierung, Analysen) - Quantitative Merkmalsanalysen (QTLs) mit Schwerpunkt auf Expressions- und

Metabolom-QTLs
- Integrative Analysen, Modelle

Teilnahmevoraussetzungen

Teilnahme am Modul "Grundlagen der Biometrie" (09-202-4106) oder vergleichbare Grundkenntnisse in Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Klausur 90 Min., mit Wichtung: 2	Vorlesung "Genetische Statistik und molekulare Datenanalyse" (4SWS)
Referat (30 Min.) mit schriftlicher Ausarbeitung (2 Wochen), mit Wichtung: 1	Seminar "Aktuelle Probleme der genetischen Statistik" (1SWS)
	Übung "Praktische Analyse hochdimensionaler Daten" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2133	Wahlpflicht

Modultitel **Künstliche Neuronale Netze, Deep Learning, Maschinelles Lernen und Signalverarbeitung**

Vertiefungsmodul

Modultitel (englisch) Artificial Neural Networks, Deep Learning, Machine Learning and Signal Processing

In-Depth Module

Empfohlen für: 1./3. Semester

Verantwortlich Professur für Neuromorphe Informationsverarbeitung

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Künstliche neuronale Netze und Maschinelles Lernen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 70 h Selbststudium = 100 h
- Vorlesung "Signalverarbeitung und Deep Learning" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 70 h Selbststudium = 100 h
- Praktikum "KI" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 70 h Selbststudium = 100 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Informatikmodul im M.Sc. Bioinformatik
- M.Sc. Data Science
- Vertiefungsmodul Technische Informatik im M.Sc. Informatik
- M.Sc. Medizininformatik

Ziele

Nach der aktiven Teilnahme am Modul sind die Studierenden in der Lage

- grundlegende Begriffe aus den beiden Vorlesungen zu definieren und zu erklären
- ausgewählte Verfahren und Algorithmen zu beschreiben und zu analysieren
- algorithmische Lösungsansätze zu erklären und diese selbstständig auf Problemstellungen anzuwenden
- Aufgabenstellung praktisch in Form eines Software-basierten Verfahrens zu lösen.

Inhalt

Die Studierenden sollen die grundlegenden überwachten und unüberwachten Lernverfahren und Algorithmen der Künstlichen Neuronalen Netze, des Deep Learnings und des Maschinellen Lernens sowie der Signalverarbeitung verstehen und die wesentlichen Lösungsansätze auf Problemstellung der industriellen und wissenschaftlichen Anwendungen anwenden können.

Als Praktikumsleistung stehen auf vielfachen Wunsch der Studierenden eine Projektarbeit in Gruppenarbeit bzw. 5 Versuche in Einzelarbeit zur Wahl. Die individuelle Festlegung hierzu erfolgt vor Beginn des Praktikums oder zu Beginn der Veranstaltung.

Teilnahmevoraussetzungen Nicht für Studierende, die bereits am Kernmodul "Künstliche Neuronale Netze und Maschinelles Lernen" 10-202-2128 teilgenommen haben.

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben.
Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Mündliche Prüfung 25 Min., mit Wichtung: 1	Vorlesung "Künstliche neuronale Netze und Maschinelles Lernen" (2SWS)
<i>Prüfungsvorleistung: (Praktikumsleistung (Bearbeitungsdauer 10 Wochen) mit Abschlusspräsentation (15 Minuten))</i>	
	Vorlesung "Signalverarbeitung und Deep Learning" (2SWS)
	Praktikum "KI" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2137	Wahlpflicht

Modultitel	KI und Ethik Seminar modul
Modultitel (englisch)	AI and Ethics Seminar Module
Empfohlen für:	1./3. Semester
Verantwortlich	Professur für Neuromorphe Informationsverarbeitung
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	• Seminar "AI and Ethics" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 120 h Selbststudium = 150 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	• M.Sc. Informatik: Seminar modul • M.Sc. Bioinformatik • M.Sc. Medizininformatik • M.Sc. Data Science: Ergänzungsbereich
Ziele	Nach der aktiven Teilnahme am Modul sind die Studierenden in der Lage - Einen wissenschaftlichen Text zur KI und Ethik zu analysieren, in eigenen Worten darstellen, - Inhalte aus solchen Texten geeignet aufbereitet darstellen - Fragestellung zu bearbeiten und zu diskutieren, - Eine wissenschaftliche Veröffentlichung zu verfassen, die den formellen Anforderungen einer Konferenz entspricht.
Inhalt	Selbständige Bearbeitung einer aktuellen Forschungsarbeit zur KI und Ethik und Vortrag darüber. - Lehrsprache: English oder Deutsch - Prüfungssprache: English oder Deutsch Die Festlegung hierzu erfolgt vor der Moduleinschreibung auf elektronischem Weg (Vorlesungsverzeichnis) oder zu Beginn der Veranstaltung durch den Dozenten/die Dozentin.
Teilnahmevoraussetzungen	Kenntnisse im Bereich maschinelles Lernen / künstliche neuronale Netze sind empfehlenswert, aber nicht zwingend erforderlich
Literaturangabe	Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Referat (25 Min.) mit schriftlicher Ausarbeitung (8 Wochen), mit Wichtung: 1	
	Seminar "AI and Ethics" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2207	Pflicht

Modultitel **Sequenzanalyse und Genomik**

Modultitel (englisch) Sequence Analysis and Genomics

Empfohlen für: 1. Semester

Verantwortlich Professur für Bioinformatik

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Einführungsvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 56 h Selbststudium = 86 h
- Vorlesung "Spezialvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h
- Übung "Sequenzanalyse und Genomik" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h
- Praktikum "Sequenzanalyse und Genomik" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 68 h Selbststudium = 128 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biochemie
- M.Sc. Bioinformatik
- Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biologie
- M.Sc. Data Science
- Vertiefungsmodul im M.Sc. Informatik
- M.Sc. Medizininformatik
- M.Sc. Wirtschaftspädagogik (zweites Fach Informatik)
- Lehramt Informatik

Ziele

Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Bioinformatik von RNA und Proteinstrukturen" sind die Studierenden in der Lage

- Sequenzdaten im biologischen Kontext zu interpretieren,
- die grundlegenden Algorithmen zum Sequenzvergleich in hinreichender Tiefe zu verstehen, um die geeigneten Werkzeuge für konkrete Anwendungen auszuwählen,
- die grundlegenden Algorithmen zum Sequenzvergleich anzuwenden und in einfacher Weise zu modifizieren,
- einfache Aufgabenstellungen aus der vergleichenden Genomik eigenständig zu bearbeiten und
- die Ergebnisse der praktischen Arbeit zu präsentieren und kritisch zu diskutieren.

Inhalt

Vorlesung "Sequenzanalyse und Genomik":

- Exakte und approximative Suche in Sequenzdaten
- lokale und globale Alignierung von Sequenzen
- Phylogenetische Rekonstruktion in Theorie und Praxis

Eine Spezialvorlesung wird auf einem der folgenden Themengebiete angeboten:

- "Evolutionäre Algorithmen": Kombinatorische Optimierungs-Probleme; Simulated Annealing; Werte-Landschaften; Genetische Algorithmen; Genetic Programming.

- "Hidden-Markov-Modelle in der Bioinformatik": Grundlagen von HMMs: Baum-Welch- und Viterbi-Algorithmus; Parameterschätzung; paarweise Alignments mit HMMs; Profile-HMMs für Sequenzfamilien; multiple Alignments mit Lernen von Profile-HMMs.
- "Präbiotische Evolution": Astrophysikalische Grundlagen; Präbiotische Chemie; Chemische Reaktionsnetzwerke; Die RNA Welt und alternative Szenarien; Mathematische Modelle: Quasispecies, Hyperzyklus, und Co.; Der Genetische Code
- "Populationsgenetik": Einführung in die theoretischen Grundlagen und die Werkzeuge der Populationsgenetik sowie der Populationsgenomik.
- "Epigenetik": Arten der epigenetischen Modifikationen; Begriffsdefinition Epigenetik; Einführung in die experimentellen Techniken mit Schwerpunkt auf ihre Auswertung; Mapping von Sequenzierungsdaten; Peak-Calling Verfahren;
- "Algorithmen für Hochdurchsatzsequenzierung": Hochgeschwindigkeitsalignentalgorithmen basierend auf Suffix Arrays und der Burrows Wheeler Transformation wie "BWA", "BOWTIE" oder "segemehl". Algorithmen zur Rekonstruktion von Genomen basierend auf De Bruijn Graphen oder String Graphen.

Ein Praktikum wird auf einem der folgenden Themengebiete angeboten:

- "Nukleinsäuren": Praxisnaher Umgang mit Standard-Programmen (u.a. "blast", "clustal" und "muscle") zur genomweiten Suche und zum Sequenzvergleich; Suche nach strukturierter Information, wie z.B. proteinkodierenden Regionen, nicht-kodierenden RNAs oder regulatorischen Elementen in Genomen unter Zuhilfenahme aktueller Werkzeuge und Methoden (z.B. "Proteinortho", "RNAz" oder "Augustus"); Umgang mit Datenquellen wie dem "UCSC Genome Browser".
- "Phylogenetische Rekonstruktion": Rekonstruktion von Phylogenien mit Standard-Werkzeugen wie "phylip", "MEGA" oder "NeighborNet"; problemgerechte Auswahl einer Methode (Maximum Parsimony, Maximum Likelihood oder distanzbasiert); visuelle Darstellung von Ereignissen und Veränderungen auf evolutionären Zeitskalen (u.a. mit "TreeView" oder "iTOL")
- "Epigenetik": Einführung in grundlegende Auswertungsprogramme wie "bedtools" oder "UCSCtools" sowie Programme zur Erstausswertung von Sequenzierungsexperimenten wie "cutadapt", "fastqc" oder "segemehl".
- "Populationsgenetik": Verfahren zur Analyse von Daten zu genetischen Polymorphismen und genomischer Diversität sowie mathematischer Modelle zur Modellierung von populationsgenetischen Effekten (wie Mutation, Drift und Selektion) in der Evolution.

In den Praktika wird zum selbstständigen Arbeiten angeleitet, nicht die Ergebnisse, sondern das Erstellen und Verfeinern von Lösungsansätzen stehen im Vordergrund.

Eine Übung begleitet die Vorlesung, in der vorgestellte Algorithmen implementiert und vertieft und vorgestellte Programme angewandt werden.

Teilnahmevoraussetzungen

keine

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Für die Vergabe von Leistungspunkten müssen alle vorgesehenen Studienleistungen erbracht sowie die Prüfungsleistung bestanden sein.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsbericht im Praktikum, Bearbeitungszeit 8 Wochen</i>	
	Vorlesung "Einführungsvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (2SWS)
	Vorlesung "Spezialvorlesung Sequenzanalyse und Genomik" (1SWS)
	Übung "Sequenzanalyse und Genomik" (1SWS)
	Praktikum "Sequenzanalyse und Genomik" (4SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-INF-42	Wahlpflicht

Modultitel	Einführung in die Informatik
Modultitel (englisch)	Introduction to Computer Science
Empfohlen für:	1. Semester
Verantwortlich	Institut für Informatik
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Einführung in die Informatik" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 120 h Selbststudium = 180 h • Übung "Einführung in die Informatik" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 90 h Selbststudium = 120 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • M.Sc. Bioinformatik • M.Sc. Medizininformatik • M.Sc. Journalismus
Ziele	<p>Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Einführung in die Informatik" sind die Studierenden in der Lage:</p> <ul style="list-style-type: none"> - wichtige Begriffe der Informatik zu definieren, - Datentypen und Datenstrukturen zu erklären, - prinzipielle Abläufe in Automaten und Computersystemen zu beschreiben, - einfache Problemstellungen algorithmisch zu lösen, - algorithmische Beschreibungen nachzuvollziehen sowie - Aspekte der Datensicherheit zu erläutern.
Inhalt	<ol style="list-style-type: none"> (1) Datentypen und Datenstrukturen (2) Aufbau und Arbeitsweise von Automaten und Computersystemen (3) algorithmische Prinzipien und Programmieretechniken (4) Algorithmen zur Informationsverarbeitung (5) Datensicherheit
Teilnahmevoraussetzungen	keine
Literaturangabe	Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 60 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Einführung in die Informatik" (4SWS)
	Übung "Einführung in die Informatik" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-INF-BI01	Pflicht

Modultitel **Statistisches Lernen**

Modultitel (englisch) Statistical Learning

Empfohlen für: 1. Semester

Verantwortlich Professur für Integrative Bioinformatik

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- E-Learning-Veranstaltung "Grundlagen des statistischen Lernens" (0 SWS) = 0 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 60 h
- Seminar "Grundlagen des statistischen Lernens" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 120 h Selbststudium = 150 h
- Übung "Statistisches Lernen mit R" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- M.Sc. Bioinformatik
- M.Sc. Data Science
- M.Sc. Digital Humanities
- M.Sc. Informatik

Ziele

Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Statistisches Lernen" sind die Studierenden in der Lage:

- grundlegende Verfahren der Statistik korrekt anzuwenden,
- verschiedene Verfahren des Maschinellen Lernens zu erklären, zu vergleichen, und zu komplexen Workflows zu verbinden und
- Workflows der (bio)informatischen Datenanalyse in der Statistiksprache R zu implementieren.

Inhalt

Seminar und Praktikum "Grundlagen des statistischen Lernens"

- Wahrscheinlichkeitsbegriff, deskriptive Statistik, Verteilungen, statistisches Testen
- Statisches Lernen, lineare Regression, Klassifikation
- Resampling-Methoden, Modellwahl, Regularisierung
- Supervised und unsupervised (machine) learning, Dimensionsreduktion
- Explorative Datenanalyse
- Hochdimensionale systembiologische Daten, multiples Testen
- Einführung in die reproduzierbare Datenanalyse und Programmieren in R anhand von Beispieldatensätzen
- Storytelling with data

Teilnahmevoraussetzungen Grundkenntnisse in Statistik oder Biometrie oder gleichwertige Kenntnisse

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 60 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung (10 elektronische Testate (Bearbeitungsdauer je 3 Tage))</i>	
	E-Learning-Veranstaltung "Grundlagen des statistischen Lernens" (0SWS)
	Seminar "Grundlagen des statistischen Lernens" (2SWS)
	Übung "Statistisches Lernen mit R" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-INF-BI02	Wahlpflicht

Modultitel Einführungsmodul Biowissenschaften

Modultitel (englisch) Introduction to Biological Science

Empfohlen für: 1. Semester

Verantwortlich Professur für Bioinformatik

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Einführung in die Biowissenschaften I" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 55 h Selbststudium = 100 h
- Vorlesung "Einführung in die Biowissenschaften II" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 55 h Selbststudium = 100 h
- Übung "Verbindende Übungen Biowissenschaften" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 70 h Selbststudium = 100 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- M.Sc. Bioinformatik
- M.Sc. Informatik

Ziele Nach der aktiven Teilnahme am Einführungsmodul Biologie besitzen die Studierenden einen Überblick über grundlegende Fakten und Konzepte aus wesentlichen Bereichen der Biowissenschaften und können diese wiedergeben. Die Studierenden verfügen über einen fachwissenschaftlichen Grundwortschatz von ca. 200 Worten und können einfache biologische Fakten interpretieren und miteinander in Beziehung setzen.

Inhalt In den Vorlesungen sind zwei aus den folgenden von der Fakultät für Lebenswissenschaften angebotenen Themengebieten auszuwählen:

- Vorlesung "Einführung in die Biochemie für Informatiker" (11-201-5101)
- Vorlesung "Grundzüge der Allgemeinen Zoologie" (11-201-5102)
- Vorlesung "Grundlagen der Evolution" (11-201-5103) oder Vorlesung "Evolutionsökologie"
- Vorlesung "Molekularbiologie" (11-BCH-0519) oder Vorlesung "Genetik I für Informatiker" (11-201-5104)

In der Übung "Verbindende Übungen Biowissenschaften" sind einfache Aufgaben selbstständig zu lösen, die vor allem bioinformatische Fragestellungen zu den biowissenschaftlichen Vorlesungen aufzeigen. Die Lösungen der Aufgaben werden in den Übungseinheiten besprochen. Zudem dient die Übung der vertiefenden Diskussion des Vorlesungsstoffes und der aktiven Nutzung des Grundwortschatzes.

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen**Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1***Prüfungsvorleistung: Übungsschein in der Übung (6 Übungsblätter mit Hausaufgaben, von denen 50% korrekt gelöst sein müssen), Bearbeitungszeit je Übungsblatt eine Woche*

	Vorlesung "Einführung in die Biowissenschaften I" (3SWS)
	Vorlesung "Einführung in die Biowissenschaften II" (3SWS)
	Übung "Verbindende Übungen Biowissenschaften" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-111-0411-X	Wahlpflicht

Modultitel **Physikalische Chemie I - Einführung in die Quantenchemie**

Modultitel (englisch) Physical Chemistry I - Introduction to Quantum Chemistry

Empfohlen für: 1. Semester

Verantwortlich Professuren der Physikalischen und Theoretischen Chemie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Physikalische Chemie I" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 105 h
- Übung "Physikalische Chemie I" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Pflichtmodul im Bachelor of Science Chemie
- M.Sc. Bioinformatik

Ziele Die Studierenden verfügen über das Grundverständnis der quantenmechanischen Eigenschaften der Atome und Moleküle und besitzen die Grundkenntnisse experimenteller spektroskopischer Methoden in der Physikalischen Chemie.

Inhalt Quantentheorie, Atomorbitale, Atomspektren und Termsymbole, MO Theorie zweiatomiger Moleküle, Molekülsymmetrie, Molekülspektroskopie (Rotations- und Schwingungsspektroskopie, Elektronenübergänge)

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe

1. P.W. Atkins und J. de Paula: Physikalische Chemie, Wiley-VCH, D.A.
2. G. Wedler und H.-J. Freund: Lehrbuch der Physikalischen Chemie, Wiley-VCH,
3. McQuarrie, J.D. Simon: Physical Chemistry, University Science Books,
4. A. Cooksy: Physical Chemistry – Quantum Chemistry and Molecular Interactions, Pearson Education

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Übungsaufgaben, von denen 50% korrekt gelöst sein müssen</i>	
	Vorlesung "Physikalische Chemie I" (3SWS)
	Übung "Physikalische Chemie I" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-121-1111	Wahlpflicht

Modultitel	Biophysikalische Methoden
Modultitel (englisch)	Biophysical Methods
Empfohlen für:	1./3. Semester
Verantwortlich	Professuren für Bioanalytik und Strukturanalytik von Biopolymeren
Dauer	1 Semester
Modulturnus	alternierend alle 2 Jahre im Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Biophysikalische Methoden" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 90 h • Seminar "Biophysikalische Methoden" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 60 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • M.Sc. Bioinformatik • M.Sc. Chemie • Voraussetzung für Modul 13-121-1114
Ziele	Methodische Grundlagen zur Aufklärung von Proteinstrukturen
Inhalt	<p>Methoden zur Aufklärung der Primärstruktur:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Peptidsequenzierung - DNA-Sequenzierung - Massenspektrometrie <p>Methoden zur Analyse von Sekundärstruktur und Proteindynamik:</p> <ul style="list-style-type: none"> - ESR-Spektroskopie - CD-Spektroskopie - Fluoreszenzspektroskopie <p>Methoden zur Aufklärung der 3D Struktur:</p> <ul style="list-style-type: none"> - Kristallstrukturanalyse - NMR-Spektroskopie - Kleinwinkelstreuung - Elektronenmikroskopie
Teilnahmevoraussetzungen	keine
Literaturangabe	<p>T.E. Creighton: Proteins: Structures and Molecular Properties, W.H. Freeman and Company</p> <p>F. Lottspeich, H. Zorbas (Hrsg.) Bioanalytik, Spektrum Akademischer Verlag</p> <p>R. Winter, F. Noll: Methoden der Biophysikalischen Chemie, Teubner Taschenbücher</p> <p>http://www.uni-leipzig.de/~bioanaly/lehre.html</p>
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Biophysikalische Methoden" (3SWS)
	Seminar "Biophysikalische Methoden" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-121-1120	Wahlpflicht

Modultitel	Proteinkristallographie
Modultitel (englisch)	Protein Crystallography
Empfohlen für:	1./3. Semester
Verantwortlich	Professur für Strukturanalytik von Biopolymeren
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Proteinkristallographie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h • Praktikum "Proteinkristallographie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • M.Sc. Bioinformatik • M.Sc. Chemie • M.Sc. Chemistry and Biotechnology
Ziele	Die Studierenden kennen die Grundlagen und Methoden der Proteinkristallographie und sind in der Lage anwendungsnahe Fragestellungen mittels der erlernten Methoden zu lösen.
Inhalt	<p>Mittels der Methode der Röntgenkristallographie können die Raumstrukturen von organischen Molekülen, anorganischen Festkörpern sowie von biologischen Makromolekülen zu atomarer Auflösung bestimmt werden. In der Vorlesung werden die für Naturwissenschaftler relevanten Grundlagen dieser Methoden praxisnah vermittelt. Der Schwerpunkt liegt auf der Biokristallographie.</p> <p>Es werden u.a. die folgenden Themen behandelt: Kristallisation, Kristalle, Symmetrie und Raumgruppen, Röntgenquellen und Detektoren, Datensammlung, Beugung von Röntgenstrahlen und Neutronen, Phasenproblem, Phasierung und Phasenverfeinerung, Strukturlösung von niedermolekularen Verbindungen mittels Pattersonfunktion und direkte Methoden, Strukturlösung von Biomolekülen mittels molekularem Ersatz, Schweratomersatz und anomaler Dispersion, Modellbau und Strukturvisualisierung, Strukturverfeinerung, Validierung und Interpretation, Vergleich zur Strukturbestimmung mittels NMR.</p>
Teilnahmevoraussetzungen	keine
Literaturangabe	Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung</i>	
	Vorlesung "Proteinkristallographie" (2SWS)
	Praktikum "Proteinkristallographie" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-201-2106	Wahlpflicht

Modultitel	Internetanwendungen
Modultitel (englisch)	Internet Applications
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professur für Rechnernetze und Verteilte Systeme
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Internetanwendungen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 75 h Selbststudium = 105 h • Übung "Internetanwendungen" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Kernmodul in Technischer Informatik im B.Sc. Informatik • Kernmodul in Angewandter Informatik im B.Sc. Informatik • Kernmodul in Praktischer Informatik im B.Sc. Informatik • B.Sc. Digital Humanities • M.Sc. Bioinformatik • Lehramt Informatik • M.Sc. Wirtschaftsinformatik (Belegung nur möglich, falls nicht Vertiefungsmodul „Rechnernetze und Internetanwendungen“ (10-201-2102) gewählt wird)
Ziele	<p>Nach der aktiven Teilnahme am Modul „Internetanwendungen“ sind die Studierenden in der Lage, die Funktionsweise von Anwendungen, mit denen Sie teilweise täglich umgehen (WWW, E-Mail, FTP, Suchmaschinen, P2P Netzwerken), zu erklären.</p> <p>Sie können Anforderungen der Anwendungen an die Transportschicht und Anwendungsprotokolle identifizieren (z.B. Bandbreite, Fehlerkorrektur) und diese begründen.</p> <p>Die Studierenden sind in der Lage, auch in kleinen Gruppen Fragestellungen zu bearbeiten und zu diskutieren.</p>
Inhalt	<ul style="list-style-type: none"> • Einführung • Internetanwendungen • Web Data Mining • Anwendungsschicht • Multimedia-Kommunikation
Teilnahmevoraussetzungen	keine
Literaturangabe	Homepage des Lehrstuhls Rechnernetze und Verteilte Systeme sowie Vorlesungsskripte
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 60 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Internetanwendungen" (2SWS)
	Übung "Internetanwendungen" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-201-2107	Wahlpflicht

Modultitel **Rechnernetze**

Modultitel (englisch) Computer Networks

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Professur für Rechnernetze und Verteilte Systeme

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Rechnernetze" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 75 h Selbststudium = 105 h
- Übung "Rechnernetze" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Kernmodul in Technischer Informatik im B.Sc. Informatik
- Kernmodul in Angewandter Informatik im B.Sc. Informatik
- Kernmodul in Praktischer Informatik im B.Sc. Informatik
- B.Sc. Digital Humanities
- M.Sc. Bioinformatik
- Lehramt Informatik
- M.Sc. Wirtschaftsinformatik

(Belegung nur möglich, falls nicht Vertiefungsmodul „Rechnernetze und Internetanwendungen“ (10-201-2102) gewählt wird)

Ziele

Nach der aktiven Teilnahme am Modul „Rechnernetze“ sind die Studierenden in der Lage, die detaillierte Funktionsweise der Protokolle in den Schichten des TCP / IP Protokoll-Stacks zu erklären.
 Sie können die abstrakten Mechanismen (z.B. Fehlerkorrektur, Überlastkontrolle, Flusskontrolle, sicherer Datentransport in Netzen mit Datenverlust) praktisch an Rechenbeispielen nachvollziehen.
 Die Studierenden sind in der Lage, auch in kleinen Gruppen Fragestellungen zu bearbeiten und zu diskutieren.

Inhalt

- Einführung
- Transportschicht
- Internetschicht
- Sicherungsschicht
- Drahtlose und mobile Netze
- Netzsicherheit

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe Homepage des Lehrstuhls Rechnernetze und Verteilte Systeme sowie Vorlesungsskripte

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 60 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Rechnernetze" (2SWS)
	Übung "Rechnernetze" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2104	Wahlpflicht

Modultitel **Neuromorphe Informationsverarbeitung**

Modultitel (englisch) Neuromorphic Information Processing

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Professur für Neuromorphe Informationsverarbeitung

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Neuronal Computing" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h
- Vorlesung "Neurobionische Systeme" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h
- Praktikum "SNN" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 90 h Selbststudium = 120 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- M.Sc. Bioinformatik
- M.Sc. Data Science
- Vertiefungsmodul im M.Sc. Informatik der Technischen Informatik
- Lehramt Informatik
- M.Sc. Medizininformatik
- Wahlpflichtmodul im M.Sc. Wirtschaftsinformatik
- M.Sc. Wirtschaftspädagogik (zweites Fach Informatik)

Ziele

Nach der aktiven Teilnahme am Modul sind die Studierenden in der Lage

- grundlegende Begriffe aus den beiden Vorlesungen zu definieren und zu erklären
- ausgewählte Verfahren und Algorithmen zu beschreiben und zu analysieren
- algorithmische Lösungsansätze zu erklären und diese selbstständig auf Problemstellungen anzuwenden
- Aufgabenstellungen praktisch in Form eines Software-basierten Verfahrens zu lösen.

Inhalt

Vorlesung "Neuronal Computing"

- Informationstheorie
- Neurone als Rechner
- Bidirektionale Kontaktierung von Neuronen
- Signalverarbeitung von Nervensignalen
- Modular und Population Coding
- Unitary Events Analysis
- Nerven-Maschine-Schnittstellen

Vorlesung "Neurobionische Systeme"

- Funktionsweise Neurone
- Grundorganisation Gehirn
- Funktionsweise Synapsen
- Neuronale Netze
- Selbstorganisation
- Bioanaloge/Bioinspirierte neuronale Netze
- Anwendungen bionischer Systeme

Praktikum "SNN"

- Anwendung der wesentlichen Lösungsansätze auf Problemstellung der industriellen und wissenschaftlichen Anwendungen.

Als Praktikumsleistung stehen auf vielfachen Wunsch der Studierenden eine Projektarbeit in Gruppenarbeit bzw. 5 Versuche in Einzelarbeit zur Wahl. Die individuelle Festlegung hierzu erfolgt vor Beginn des Praktikums oder zu Beginn der Veranstaltung.

Teilnahmevoraussetzungen

keine

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 25 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung (Bearbeitungsdauer 10 Wochen) mit Abschlusspräsentation (15 Minuten)</i>	
	Vorlesung "Neuronal Computing" (2SWS)
	Vorlesung "Neurobionische Systeme" (2SWS)
	Praktikum "SNN" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2135	Wahlpflicht

Modultitel	Maschinelles Lernen mit empirischen Daten Vertiefungsmodul
Modultitel (englisch)	Machine Learning with Empirical Data In-Depth Module
Empfohlen für:	2./3. Semester
Verantwortlich	Professur für Neuromorphe Informationsverarbeitung
Dauer	1 Semester
Modulturnus	unregelmäßig
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Empirie und Automatisierung" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h • Seminar "Forschung mit maschinellem Lernen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h • Praktikum "Blockpraktikum Maschinelles Lernen mit empirischen Daten" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 90 h Selbststudium = 120 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Vertiefungsmodul im M.Sc. Informatik • Wahlpflichtmodul (Kerninformatik) im M.Sc. Bioinformatik • Vertiefungsmodul (Kernfach Informatik) im LA Informatik • Wahl-/ Wahlpflichtmodul Informatik im M.Sc. Digital Humanities
Ziele	<p>Nach der aktiven Teilnahme am Modul „Maschinelles Lernen mit empirischen Daten“ können die Studierenden</p> <ul style="list-style-type: none"> - die Prinzipien, nach denen empirische Wissenschaften arbeiten, sowie deren Methoden und Arbeitsweisen nachvollziehen; - relevante Primärliteratur im Bereich Maschinelles Lernen sowie aus einer empirischen Wissenschaft finden und einordnen; - ein Projektexposé nach sachlichen Kriterien bewerten; - ein eigenes Projektexposé entwickeln und die Relevanz von Forschungsliteratur für ein gegebenes Thema einschätzen; - einen wissenschaftlichen Vortrag nach sachlichen Kriterien bewerten; - eine wissenschaftliche Fragestellung im Bereich Maschinelles Lernen in gegebener Zeit und mit Betreuung durch einen Lehrenden selbstständig bearbeiten und dokumentieren.
Inhalt	<p>Vorlesung "Empirie und Automatisierung"</p> <ul style="list-style-type: none"> - Erkenntnis durch Lernen - Erkenntnis durch Modellbildung - Planung und Durchführung empirischer Studien - Intersubjektivität - Clusteranalyse und Dimensionsreduktion - Regression und Klassifikation - Statistisch motiviertes vs. neuroinspiriertes Lernen - Paradigmen intelligenter Systeme - Konstruktivistisches maschinelles Lernen - Algorithmische und gesellschaftliche Herausforderungen

- Seminar "Forschung mit maschinellem Lernen"
- Recherche und Bewertung wissenschaftlicher Literatur
 - Planung von Forschungsprojekten
 - Projektbewertung mittels Peer Review
 - Entwurf eines eigenen Projektexposés
 - Präsentation eines eigenen Forschungsplans

- Praktikum "Maschinelles Lernen mit empirischen Daten"
- Selbstständige Entwicklung und Anwendung einer Analysemethodik für einen empirischen Datensatz
 - Dokumentation von Analysemethodik und -ergebnissen nach wissenschaftlichen Standards
 - Selbstständige Bewertung der erzielten Ergebnisse
 - Wissenschaftliche Präsentation des Projekts

Teilnahmevoraussetzungen

- Teilnahme an mindestens einem der folgenden Module:
- Künstliche Neuronale Netze, Deep Learning, Maschinelles Lernen und Signalverarbeitung (10-202-2133)
 - Neuroinspirierte Informationsverarbeitung (10-202-2104)
 - Statistisches Lernen (10-INF-BI01)

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	Vorlesung "Empirie und Automatisierung" (2SWS) Seminar "Forschung mit maschinellem Lernen" (2SWS)
Projektarbeit: Präsentation (30 Min.) mit schriftlicher Ausarbeitung (2 Wochen), mit Wichtung: 1	Praktikum "Blockpraktikum Maschinelles Lernen mit empirischen Daten" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2208	Pflicht

Modultitel **Bioinformatik von RNA- und Proteinstrukturen**

Modultitel (englisch) Bioinformatics of RNA- and Protein-Structures

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Professur für Bioinformatik

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Einführungsvorlesung Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 56 h Selbststudium = 86 h
- Vorlesung "Spezialvorlesung Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h
- Übung "Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h
- Praktikum "Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 68 h Selbststudium = 128 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Vertiefungsmodul im M.Sc. Informatik
- Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biochemie
- Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biologie
- Wahlpflichtmodul im Lehramt Informatik

Ziele

Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Bioinformatik von RNA und Proteinstrukturen" sind die Studierenden in der Lage:

- RNA und Proteinfaltung durch die zugrundeliegenden physikalischen und chemischen Prozess und Gesetzmäßigkeiten zu beschreiben,
- die zugehörigen Standard-Algorithmen anzuwenden und in einfacher Weise zu modifizieren,
- biologischen Fragestellung aus dem Bereich der Strukturbiologie eigenständig zu bearbeiten und dazu geeignete Workflows zu entwickeln und
- die Ergebnisse der praktischen Arbeit zu präsentieren und kritisch zu diskutieren.

Inhalt

Vorlesung "Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen":

- "RNA Sekundärstrukturen": Thermodynamische Faltung, Faltungskinetik, Phylogenetische Struktur-Rekonstruktion, Protein-Threading
- "3D Strukturen": Molekulardynamik und Molekular Modelling, Distanzgeometrie Protein-Faltung, Modelle aus der Statistischen Mechanik, Gittermodelle.

Eine Spezialvorlesung wird auf einem der folgenden Themengebiete angeboten:

- "Theorie und Anwendung der dynamischen Programmierung": Editier-Distanz auf Sequenzen und Bäumen, Longest Common Subsequences und partielle Ordnungen, Bellmann-Prinzip, Algebraische Dynamische Programmierung.
- "Analyse von Genexpressionsdaten": Grundlagen der Genexpression und Micro-Array Technologie; Clustering Algorithmen und maschinelle Lernverfahren in Zusammenhang mit Genexpressionsdaten; Expressionsdatenbanken.
- "Fitness-Landschaften und Molekulardynamik": Pathways von Protein- und RNA-Faltung; Simulated Annealing; neutrale Netzwerke; wissensbasierte Potentiale.

- "Modellierung von Gewebsorganisationsprozessen": Zelluläre Automaten zur Simulation wachsender Zellaggregate; Stochastische Beschreibung von wachsenden Vielteilensystemen auf dem Gitter: Mastergleichungen; Deterministischer Grenzfall der Stochastischen Beschreibung; Stochastische Beschreibung von Kolloidteilchen im Kontinuum: Langevingleichungen; Vom Kolloidteilchen zur Zelle: Hinzufügen von Zellwachstum und Zellteilung; Zellen als deformierbare, kompressible Objekte: Grundgleichungen aus der Kontinuumsmechanik; Modellierung von Tumorwachstum in-vitro: Hybridansatz zur Verbindung von Einzel-Zelldarstellungen mit Kontinuumsungleichungen für Nährstoffe; Zweidimensionale fluide und elastische Membranen; Gewebeschichten: frühe Embryogenese und intestinale Darmkrypten.

Ein Praktikum wird auf einem der folgenden Themengebiete angeboten:

- "RNA-Strukturen": Praxisnaher Umgang mit dem "Vienna RNA package" und anderen Werkzeugen zur Handhabung von RNA-Strukturen
- "Proteinstrukturen": Praxisnaher Umgang zur Vorhersage von Proteinstrukturen, u.a. Homologiesuche und-modellierung (z.B. mit Rosetta) und Protein-Threading mit "Critical Assessment of Techniques for Protein Structure Prediction" (CASP) als Grundlage.
- "Von der Struktur zur Funktion": Computermethoden und Software zur funktionalen Charakterisierung von RNAs oder Proteinen. (z.B. mit Hilfe von dN/dS Tests, Co-Evolutionsanalysen, Ancestor-Rekonstruktion und Annotation von Proteindomänen)

Eine Übung begleitet die Vorlesung, in der vorgestellte Algorithmen implementiert und vertieft und vorgestellte Programme angewandt werden.

Teilnahmevoraussetzungen

keine

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsbericht im Praktikum, Bearbeitungszeit 8 Wochen</i>	
	Vorlesung "Einführungsvorlesung Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (2SWS)
	Vorlesung "Spezialvorlesung Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (1SWS)
	Übung "Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (1SWS)
	Praktikum "Bioinformatik der RNA- und Protein-Strukturen" (4SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2213	Wahlpflicht

Modultitel	Anwendungsbezogene Datenbankkonzepte
Modultitel (englisch)	Application-Oriented Concepts for Databases
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professur für Informatik (Datenbanken)
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Anwendungsbezogene Datenbankkonzepte I" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h • Vorlesung "NoSQL-Datenbanken" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h • Übung "NoSQL-Datenbanken" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • M.Sc. Bioinformatik • M.Sc. Digital Humanities • Kernmodul der Praktischen und Angewandten Informatik im M.Sc. Informatik • M.Sc. Medizininformatik
Ziele	<p>Nach der aktiven Teilnahme am Modul sind die Studierenden in der Lage:</p> <ul style="list-style-type: none"> - verschiedene Architekturen aktueller Datenbankanwendungen zu benennen und zu klassifizieren, - Verfahren zur Verarbeitung großer Datenmengen zu erläutern, - Datenbankanwendungen zu modellieren und selbstständig Anfragen im Kontext verschiedener Anwendungen zu formulieren und - Verfahren zur Verarbeitung und Analyse großer Datenmengen anzuwenden.
Inhalt	<p>Vorlesung NoSQL-Datenbanken</p> <ul style="list-style-type: none"> - Verwaltung großer Datenmengen in verteilten Clusterumgebungen - Kategorisierung und Eigenschaften von NoSQL-Datenbanksystemen - Vergleich von NoSQL-Systemen zu relationalen Datenbanksystemen - Partitionierung, Konsistenz, Replikation - Key-Value, Document Stores und Extensible Record Stores - Graphdatenbanken <p>Übung NoSQL-Datenbanken</p> <ul style="list-style-type: none"> - Verständnisaufgaben zum Inhalt der Vorlesung - Praktische Arbeit mit realen, teilweise sehr großen, Datensätzen - Formulierung und Ausführung von Anfragen in den jeweiligen Sprachen verschiedener Datenbankimplementierungen - Umgang mit den Anbindungen an gängige Programmiersprachen <p>Außerdem wird mindestens eine der folgenden Vorlesungen angeboten. Eine Vorlesung wird ausgewählt.</p> <p>Vorlesung Data Warehousing</p>

- Architektur von Data Warehouse-Systemen
- Mehrdimensionale Modellierung
- Datenintegration, Datenbereinigung, ETL-Werkzeuge
- Performance-Techniken: Indexstrukturen, materialisierte Sichten, parallele Datenbanken
- Data Mining-Verfahren
- Anwendungen von Datawarehouses

Vorlesung Implementierung von Datenbanksystemen II

- Synchronisation: Serialisierbarkeit, Sperrverfahren, Deadlock-Behandlung,
- Mehrversionenverfahren, sonstige Synchronisationsansätze
- Logging und Recovery: Fehlermodell, Logging-Strategien, Checkpoint-Ansätze, Crash-Recovery, Media-Recovery
- Erweiterte Transaktionsmodelle (geschachtelte Transaktionen, verkettete Transaktionen, etc.)
- DB-Benchmarks.

Teilnahmevoraussetzungen

Grundkenntnisse im Bereich Datenbanksystemen, z.B. durch Teilnahme am Modul 10-201-2211 oder vergleichbare Kenntnisse.

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 120 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Anwendungsbezogene Datenbankkonzepte I" (2SWS)
	Vorlesung "NoSQL-Datenbanken" (1SWS)
	Übung "NoSQL-Datenbanken" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2223	Wahlpflicht

Modultitel	Zeichnen gerichteter Graphen Kernmodul
Modultitel (englisch)	Drawing of Directed Graphs Key Module
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professur für Bild- und Signalverarbeitung
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h • Praktikum "Zeichnen gerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Kernmodul im M.Sc. Informatik (Praktische Informatik, Angewandte Informatik, Theoretische Informatik) • M.Sc. Bioinformatik • Staatsexamen Lehramt Informatik
Ziele	Nach der aktiven Teilnahme am Kernmodul "Zeichnen gerichteter Graphen" können die Studierenden geeignete Darstellungen für gerichtete Graphen und Netzwerke auswählen und implementieren. Die Studierenden können selbständig entscheiden, welche Darstellung und welcher Algorithmus für eine Aufgabe aus einem Anwendungsgebiet, welche auf gerichteten Graphen basiert, geeignet ist. Die Studierenden können die Verfahren selbständig implementieren.
Inhalt	<p>Das Modul umfasst die Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" und das Praktikum "Zeichnen gerichteter Graphen", welche beide zu belegen sind. Alle vermittelten Techniken sind fundamental bei der Analyse von auf gerichteten Graphen basierenden Daten aus den verschiedensten Anwendungsgebieten. Sie unterstützen die Analyse durch das Ausnutzen der visuellen Wahrnehmungsfähigkeiten des Menschen.</p> <p>Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" In dieser Vorlesung werden ausgewählte Methoden zur Darstellung von gerichteten Graphen und Netzwerken behandelt. Diese basieren auf ästhetischen Kriterien, welche in der Regel widerspruchsvoll sind. Daher wird insbesondere auch auf die notwendigen Kompromisse eingegangen. Daneben sind oft Heuristiken notwendig, da einige exakte Algorithmen NP-hart, NP-vollständig oder aufgrund ihrer Komplexität für große Datenmengen ungeeignet sind.</p> <p>Praktikum "Zeichnen gerichteter Graphen" In diesem Praktikum werden Methoden und Algorithmen zum Zeichnen gerichteter Graphen selbständig praktisch umgesetzt. Dabei sollen Erfahrungen zur Entwicklung und Implementierung von Algorithmen zum Zeichnen von gerichteten Graphen gewonnen werden.</p>

Teilnahmevoraussetzungen Kann nicht zusammen mit dem Modul "Zeichnen von Graphen" (10-202-2225) eingebracht werden.

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 20 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung (Präsentation 20 Min.)</i>	
	Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" (2SWS)
	Praktikum "Zeichnen gerichteter Graphen" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2224	Wahlpflicht

Modultitel	Zeichnen ungerichteter Graphen Kernmodul
Modultitel (englisch)	Drawing of Undirected Graphs Key Module
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professur für Bild- und Signalverarbeitung
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h • Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Kernmodul im M.Sc. Informatik (Praktische Informatik, Angewandte Informatik, Theoretische Informatik) • M.Sc. Bioinformatik • Staatsexamen Lehramt Informatik
Ziele	Nach der aktiven Teilnahme am Kernmodul "Zeichnen ungerichteter Graphen" können die Studierenden geeignete Darstellungen für ungerichtete Graphen auswählen und implementieren. Die Studierenden können selbständig entscheiden, welche Darstellung und welcher Algorithmus für eine Aufgabe aus einem Anwendungsgebiet, welche auf ungerichteten Graphen basiert, geeignet ist. Die Studierenden können die Verfahren selbständig implementieren.
Inhalt	<p>Das Modul umfasst die Vorlesung "Zeichnen ungerichteter Graphen" und das Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen", welche beide zu belegen sind. Alle vermittelten Techniken sind fundamental bei der Analyse von auf ungerichteten Graphen basierenden Daten aus den verschiedensten Anwendungsgebieten. Sie unterstützen die Analyse durch das Ausnutzen der visuellen Wahrnehmungsfähigkeiten des Menschen.</p> <p>Vorlesung "Zeichnen ungerichteter Graphen" In dieser Vorlesung werden ausgewählte Methoden zur Darstellung von ungerichteten Graphen und Netzwerken behandelt. Diese basieren auf ästhetischen Kriterien, welche in der Regel widerspruchsvoll sind. Daher wird insbesondere auch auf die notwendigen Kompromisse eingegangen. Daneben ist Interaktion unabdingbar, um auch große Graphen angemessen analysieren zu können.</p> <p>Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen" In diesem Praktikum werden Methoden und Algorithmen zum Zeichnen ungerichteter Graphen selbstständig praktisch umgesetzt. Dabei sollen Erfahrungen zur Entwicklung und Implementierung von Algorithmen zum Zeichnen von ungerichteten Graphen gewonnen werden.</p>

Teilnahmevoraussetzungen Kann nicht zusammen mit den Modulen "Zeichnen von Graphen" 10-202-2225 und "Visualisierung für Digital Humanities" 10-202-2210 eingebracht werden.

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 20 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung (Präsentation 20 Min.)</i>	
	Vorlesung "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2SWS)
	Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2225	Wahlpflicht

Modultitel	Zeichnen von Graphen Vertiefungsmodul
Modultitel (englisch)	Graph Drawing In-Depth Module
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professur für Bild- und Signalverarbeitung
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h • Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h • Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h • Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Vertiefungsmodul im M.Sc. Informatik • Wahlpflichtmodul M.Sc. Bioinformatik • Staatsexamen Lehramt Informatik
Ziele	Nach der aktiven Teilnahme am Vertiefungsmodul "Zeichnen von Graphen" können die Studierenden geeignete Darstellungen für gerichtete und für ungerichtete Graphen sowie für Netzwerke auswählen und implementieren. Die Studierenden können selbständig entscheiden, welche Darstellung und welcher Algorithmus für eine Aufgabe aus einem Anwendungsgebiet, welche auf Graphen basiert, geeignet ist. Die Studierenden können die Verfahren selbständig implementieren.
Inhalt	<p>Das Modul umfasst die beiden Vorlesungen "Zeichnen gerichteter Graphen" und "Zeichnen ungerichteter Graphen" und die beiden Praktika "Zeichnen gerichteter Graphen" und "Zeichnen ungerichteter Graphen", welche alle zu belegen sind. Alle vermittelten Techniken sind fundamental bei der Analyse von auf Graphen basierenden Daten aus den verschiedensten Anwendungsgebieten. Sie unterstützen die Analyse durch das Ausnutzen der visuellen Wahrnehmungsfähigkeiten des Menschen.</p> <p>Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" In dieser Vorlesung werden ausgewählte Methoden zur Darstellung von gerichteten Graphen und Netzwerken behandelt. Diese basieren auf ästhetischen Kriterien, welche in der Regel widerspruchsvoll sind. Daher wird insbesondere auch auf die notwendigen Kompromisse eingegangen. Daneben sind oft Heuristiken notwendig, da einige exakte Algorithmen NP-hart, NP-vollständig oder aufgrund ihrer Komplexität für große Datenmengen ungeeignet sind.</p> <p>Vorlesung "Zeichnen ungerichteter Graphen"</p>

In dieser Vorlesung werden ausgewählte Methoden zur Darstellung von ungerichteten Graphen und Netzwerken behandelt. Diese basieren auf ästhetischen Kriterien, welche in der Regel widerspruchsvoll sind. Daher wird insbesondere auch auf die notwendigen Kompromisse eingegangen. Daneben ist Interaktion unabdingbar, um auch große Graphen angemessen analysieren zu können.

Praktikum "Zeichnen gerichteter Graphen"

In diesem Praktikum werden Methoden und Algorithmen zum Zeichnen gerichteter Graphen selbstständig praktisch umgesetzt. Dabei sollen Erfahrungen zur Entwicklung und Implementierung von Algorithmen zum Zeichnen von gerichteten Graphen gewonnen werden.

Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen"

In diesem Praktikum werden Methoden und Algorithmen zum Zeichnen ungerichteter Graphen selbstständig praktisch umgesetzt. Dabei sollen Erfahrungen zur Entwicklung und Implementierung von Algorithmen zum Zeichnen von ungerichteten Graphen gewonnen werden.

Teilnahmevoraussetzungen

Kann nicht zusammen mit den Modulen "Visualisierung für Digital Humanities" (10-202-2210), "Zeichnen von gerichteten Graphen" (10-202-2223) und "Zeichnen von ungerichteten Graphen" (10-202-2224) eingebracht werden.

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 40 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung (2 Präsentation á 20 Min.; eine Präsentation je Praktikum)</i>	
	Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" (2SWS)
	Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2SWS)
	Vorlesung "Zeichnen gerichteter Graphen" (2SWS)
	Praktikum "Zeichnen ungerichteter Graphen" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-INF-BI04	Wahlpflicht

Modultitel	Fortgeschrittene Methoden in der Bioinformatik
Modultitel (englisch)	Advanced Methods in Bioinformatics
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professur für Bioinformatik
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Fortgeschrittene Methoden in der Bioinformatik" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h • Praktikum "Fortgeschrittene Methoden in der Bioinformatik" (8 SWS) = 120 h Präsenzzeit und 90 h Selbststudium = 210 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> - Vertiefungsmodul im M.Sc. Bioinformatik - M.Sc. Informatik - Master of Science Biochemie - Master of Science Biologie
Ziele	<p>Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Fortgeschrittene Methoden in der Bioinformatik" sind die Studierenden in der Lage:</p> <ul style="list-style-type: none"> - eine Klasse moderner Algorithmen für spezielle Fragestellungen aus den Bereichen Alignments, Strukturvorhersage und biologische Netzwerke in hinreichender Tiefe zu verstehen, um diese zu modifizieren und auf konkrete Problemstellungen anzupassen, - diese Algorithmen zu implementieren und - geeignete Testbeispiele zu entwerfen um die Korrektheit der Implementation zu testen und die Performanz zu evaluieren.
Inhalt	<ul style="list-style-type: none"> - Exakte und approximative Algorithmen fuer spezielle Fragestellungen aus den Bereichen Alignments, Strukturvorhersage, biologische Netzwerke - Fortgeschrittene statistische Verfahren - Spezielle Omics Anwendungen - Term und Graph Ersetzsysteme - Design von praktischen Bioinformatik Anwendungen
Teilnahmevoraussetzungen	Teilnahme am Modul "Sequenzanalyse und Genomik" (10-202-2207)
Literaturangabe	Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung als schriftliche Ausarbeitung und Programmierung einer Software im Praktikum, Bearbeitungszeit 6 Wochen</i>	
	Vorlesung "Fortgeschrittene Methoden in der Bioinformatik" (2SWS)
	Praktikum "Fortgeschrittene Methoden in der Bioinformatik" (8SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-MAT-BH1004	Wahlpflicht

Modultitel Gewöhnliche Differentialgleichungen

Modultitel (englisch) Ordinary Differential Equations

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Leitung des Mathematischen Instituts

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Gewöhnliche Differentialgleichungen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 55 h Selbststudium = 85 h
- Übung "Gewöhnliche Differentialgleichungen" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 50 h Selbststudium = 65 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Pflichtmodul im Bachelor Lehramt Mathematik (Schwerpunkt: Höhere Mathematik)
- Lehramt Mathematik Gym

Ziele Vertrautmachen mit grundlegenden analytischen Begriffsbildungen und dem deduktiven Aufbau der Mathematik, Einführung in mathematische Beweistechniken

Inhalt Existenz, Eindeutigkeit und Fortsetzbarkeit von Lösungen, Abhängigkeit von Anfangsbedingungen und Parametern, Lösung durch Separation der Variablen, Lineare Systeme und ihr asymptotisches Verhalten, Randwertaufgaben, Selbstadjungierte Eigenwertaufgaben

Teilnahmevoraussetzungen Teilnahme an den Modulen 10-MAT-BH1011 und 10-MAT-LA02 oder gleichwertige Kenntnisse

Literaturangabe keine

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Klausur 60 Min., mit Wichtung: 1 <i>Prüfungsvorleistung: (Lösen von Aufgaben mit Erfolgskontrolle (50% müssen korrekt gelöst sein) zur Übung)</i>	Vorlesung "Gewöhnliche Differentialgleichungen" (2SWS)
	Übung "Gewöhnliche Differentialgleichungen" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-MAT-LA01	Wahlpflicht

Modultitel **Lineare Algebra 2**

Modultitel (englisch) Linear Algebra 2

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Leitung des Mathematischen Instituts

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Lineare Algebra 2" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 140 h Selbststudium = 200 h
- Übung "Lineare Algebra 2" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 70 h Selbststudium = 100 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Lehramt Mathematik
- B.Sc. Wirtschaftspädagogik (zweite Fachrichtung Mathematik)
- M.Sc. Informatik, Ergänzungsbereich

Ziele Vertrautmachen mit grundlegenden algebraischen Begriffsbildungen und dem axiomatisch deduktiven Aufbau der Mathematik, Entwicklung des Denkens in abstrakten Strukturen, Verstehen und Führen von korrekten mathematischen Beweisen.

Inhalt Vorlesungen zur linearen Algebra: Klassifikation von Endomorphismen, quadratische Formen, euklidische Vektorräume, Hauptachsentransformation, Elemente der Ringtheorie, Polynomringe

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe keine

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1 <i>Prüfungsvorleistung: (Lösen von Aufgaben mit Erfolgskontrolle (50% müssen korrekt gelöst sein) zur Übung)</i>	Vorlesung "Lineare Algebra 2" (4SWS)
	Übung "Lineare Algebra 2" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-MAT-LA02	Wahlpflicht

Modultitel **Analysis 2**

Modultitel (englisch) Analysis 2

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Leitung des Mathematischen Instituts

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Analysis 2" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 140 h Selbststudium = 200 h
- Übung "Analysis 2" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 70 h Selbststudium = 100 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Lehramt Mathematik
- B.Sc. Wirtschaftspädagogik (zweite Fachrichtung Mathematik)
- M.Sc. Informatik, Ergänzungsbereich

Ziele Vertrautmachen mit grundlegenden analytischen Begriffsbildungen und dem deduktiven Aufbau der Mathematik, Einführung in mathematische Beweistechniken.

Inhalt Themen der Vorlesung:

- Topologie des Euklidischen Raums (Abstand, Konvergenz, Kompaktheit)
- Stetigkeit von Abbildungen mehrerer Veränderlichen
- Differentiation von Abbildungen mehrerer Veränderlichen (einschl. Taylorentwicklung, Fixpunktsatz von Banach, Sätze über Umkehrfunktion und implizite Funktionen).

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe keine

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1 <i>Prüfungsvorleistung: (Lösen von Aufgaben mit Erfolgskontrolle (50% müssen korrekt gelöst sein) zur Übung)</i>	Vorlesung "Analysis 2" (4SWS)
	Übung "Analysis 2" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-MAT-LA03	Wahlpflicht

Modultitel	Numerik
Modultitel (englisch)	Numerical Analysis
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Leitung des Mathematischen Instituts
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Numerik" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 90 h • Übung "Numerik" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 60 h • Praktikum "Übungen am Rechner" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 120 h Selbststudium = 150 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Lehramt Mathematik • M.Sc. Wirtschaftspädagogik • M.Sc. Informatik, Ergänzungsbereich
Ziele	Umgang mit Fließkommaarithmetik auf dem Rechner, Erfassen und Verstehen der Auswirkung von Rundungsfehlern auf die Genauigkeit der Resultate, Beherrschen und Entwickeln einfacher numerischer Algorithmen
Inhalt	Fließkommazahlen, Rundung, Wohlgestelltheit und Kondition eines Problems, Stabilität eines Algorithmus, numerische Algorithmen zur Behandlung verschiedener Probleme wie lineare Gleichungssysteme, Interpolation, Differentiation und Integration, nichtlineare Gleichungssysteme, Eigenwerte, Optimierung
Teilnahmevoraussetzungen	vertiefte Kenntnisse in der Linearen Algebra und Analysis 1 und 2
Literaturangabe	keine
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1 <i>Prüfungsvorleistung: (Lösen von Aufgaben mit Erfolgskontrolle (50 % müssen korrekt gelöst sein) zur Übung Praktikumsleistung (Lösen von Aufgaben))</i>	Vorlesung "Numerik" (3SWS)
	Übung "Numerik" (1SWS)
	Praktikum "Übungen am Rechner" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	11-111-1163-N	Wahlpflicht

Modultitel Einführung in die Proteinchemie und Enzymologie

Modultitel (englisch) Introduction to Protein Chemistry and Encymology

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Professur für Biochemie/ Bioorganische Chemie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Einführung in die Proteinchemie und Enzymologie" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 90 h
- Seminar "Einführung in die Proteinchemie und Enzymologie" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 60 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit Wahlpflichtmodul im Bachelor of Science Chemie

Ziele Die Studierenden verfügen über grundlegende Kenntnisse der Herstellung, Struktur und Funktion von Proteinen, sowie der molekularen Funktion von Enzymen, Antikörpern und Membranproteinen und deren Anwendungen in biotechnologischen, pharmazeutischen und nanotechnologischen Fragestellungen.

Inhalt Einführung in die verschiedenen Alternativen der Expression, Reinigung, Faltung und Charakterisierung von Proteinen, sowie in die strukturelle und funktionelle Einteilung von Proteinen, Besprechung von rationalen und kombinatorischen Verfahren im Proteindesign, Bedeutung von Proteinen bei Erkrankungen (Alzheimer, CJD, Parkinson), Besprechung der wesentlichen Enzymklassen, Enzymmechanismen und deren Anwendungen, Einführung in bionanotechnologische Aspekte von Proteinen wie immobilisierte Enzyme. Besprechung von weiteren biomedizinisch relevanten Proteinen, wie Antikörper, Membranproteine und deren therapeutischen Einsatz.

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe Voet, Voet, Pratt: Grundlagen der Biochemie, Brandon/Tooze; www.biochemie.uni-leipzig.de/col

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 120 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Referat</i>	
	Vorlesung "Einführung in die Proteinchemie und Enzymologie" (3SWS)
	Seminar "Einführung in die Proteinchemie und Enzymologie" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	11-BIO-0812	Wahlpflicht

Modultitel	Verhaltensneurogenetik
Modultitel (englisch)	Behavioural Neurogenetics
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Institut für Biologie, Professur für Genetik
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Verhaltensneurogenetik" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 50 h Selbststudium = 80 h • Seminar "Verhaltensneurogenetik" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 65 h Selbststudium = 80 h • Praktikum "Verhaltensneurogenetik" (6 SWS) = 90 h Präsenzzeit und 50 h Selbststudium = 140 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biologie • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Bioinformatik • Wahlmodul im M.Sc. Informatik
Ziele	Umfassende Kenntnisse in Theorie und Praxis der Anwendung molekulargenetischer Techniken und transgener Organismen in der Grundlagenforschung zur Gehirnfunktion und der Organisation des Verhaltens, Befähigung zur kritischen Aufarbeitung wissenschaftlicher Daten und deren Dokumentation und Präsentation
Inhalt	Neurogenetik, Verhaltensgenetik Die Lehrveranstaltungen können durch Tutorien begleitet werden.
Teilnahmevoraussetzungen	keine
Literaturangabe	unter www.uni-leipzig.de/~genetics
Vergabe von Leistungspunkten	Für die Vergabe von Leistungspunkten müssen alle vorgesehenen Studienleistungen erbracht sowie die Prüfungsleistung bestanden sein.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: 1 Seminarvortrag (30 Min.) sowie 1 Protokoll zum Praktikum</i>	
	Vorlesung "Verhaltensneurogenetik" (2SWS)
	Seminar "Verhaltensneurogenetik" (1SWS)
	Praktikum "Verhaltensneurogenetik" (6SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-111-0331-N	Wahlpflicht

Modultitel **Chemie der organischen Stoffklassen**

Modultitel (englisch) Chemistry of Organic Compound Classes

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Professur für Organische Chemie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Chemie der organischen Stoffklassen" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 105 h
- Seminar "Chemie der organischen Stoffklassen" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit Pflichtmodul im Bachelor of Science Chemie

Ziele Der Studierende soll die einzelnen Stoffklassen in der organischen Chemie hinsichtlich ihrer physikalisch-chemischen Eigenschaften und ihres chemischen Reaktionsverhaltens sicher beherrschen können.

Inhalt Im Rahmen der Vorlesung werden zunächst Grundbegriffe der organischen Chemie, wie z. B. chemische Bindung, Molekülorbitale und Isomerie erläutert. Anschließend werden die einzelnen Stoffklassen mit ihren funktionellen Gruppen und dem resultierenden Reaktionsverhalten besprochen: Alkane, Alkene, Alkine, Alkohole, Amine, Halogenalkane, Polyene, Aromaten, Carbonylverbindungen, Carbonsäuren und ihre Derivate, Kohlenhydrate, Peptide, Lipide und Nucleinsäuren. Darüberhinaus werden funktionelle Moleküle wie z. B. Farbstoffe und Polymere vorgestellt. Eine Vielzahl von Experimenten soll den Vorlesungsstoff veranschaulichen.

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe K. P. C. Vollhardt, N. E. Schore, Organische Chemie, Wiley-VCH-Verlag; Beyer-Walter, Lehrbuch der Organischen Chemie, Hirzel Verlag; <http://www.uni-leipzig.de/~organik/>.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Chemie der organischen Stoffklassen" (3SWS)
	Seminar "Chemie der organischen Stoffklassen" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-111-0441-X	Wahlpflicht

Modultitel	Physikalische Chemie II - Chemische Thermodynamik und Kinetik
Modultitel (englisch)	Physical Chemistry II - Chemical Thermodynamics and Kinetics
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professuren der Physikalischen Chemie
Dauer	2 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Physikalische Chemie II" (6 SWS) = 90 h Präsenzzeit und 120 h Selbststudium = 210 h • Übung "Physikalische Chemie II" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Pflichtmodul im Bachelor of Science Chemie • M.Sc. Bioinformatik
Ziele	Die Studierenden beherrschen das Grundverständnis für Eigenschaften und Reaktionsverhalten von Stoffen, sowie deren Aufbau, Gleichgewichtsverhalten und Reaktivität.
Inhalt	Einleitung in die Statistische Thermodynamik Energiequantelung, molekulare WW, Masse und Energietransport, Wärmekapazität, 1. Hauptsatz: Expansion und Wärmemaschinen, 2+3. Hauptsatz: Entropie, Phasengleichgewichte reiner Substanzen, Eigenschaften von Mischungen, Grundlagen des Chemischen Gleichgewichts; Elektrochemie, Transporteigenschaften, Leitfähigkeit, Diffusion, Chemische Kinetik, Reaktionsmechanismen, Reaktionsdynamik, Katalyse
Teilnahmevoraussetzungen	Teilnahme am Modul "Physikalische Chemie I" (13-111-0411-X)
Literaturangabe	<ol style="list-style-type: none"> 1. A. Cooksy: Physical Chemistry – Thermodynamics, Statistical Mechanics, and Kinetics, Pearson Education, 2. P.W. Atkins und J. de Paula: Physikalische Chemie, Wiley-VCH, 3. G. Wedler und H.-J. Freund: Lehrbuch der Physikalischen Chemie, Wiley-VCH, 4. D.A. McQuarrie, J.D. Simon: Physical Chemistry, University Science Books. Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Übungsaufgaben, von denen 50% korrekt gelöst sein müssen</i>	
	Vorlesung "Physikalische Chemie II" (6SWS)
	Übung "Physikalische Chemie II" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-121-0226	Wahlpflicht

Modultitel	Strukturelle und Anorganische Biochemie
Modultitel (englisch)	Structural and Inorganic Biochemistry
Empfohlen für:	2. Semester
Verantwortlich	Professur für Strukturanalytik von Biopolymeren, Professur für Metallorganische Chemie/ Photochemie
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Strukturelle Biochemie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h • Vorlesung "Bioanorganik" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • B.Sc. Biochemie • M.Sc. Chemie
Ziele	Die Studierenden kennen den Aufbau und die Funktionsweise von Proteinen und Enzymen, sowie die Rolle von Metallionen in biologischen Systemen.
Inhalt	<p>Strukturelle Biochemie: Strukturchemie von Proteinen und DNA/RNA, Visualisierung von Proteinstrukturen, charakteristische Faltungstypen und Oligomerstrukturen, Methoden zur Bestimmung von Raumstrukturen, Protein-Datenbank, Struktur und Funktion ausgewählter Systeme im Bereich der Enzyme, Membranproteine, Motorproteine, Signaltransduktion, Fiberproteine, etc., Flexibilität von Proteinen und Konformationsänderungen, Proteinfaltung, strukturbasierte Wirkstoffentwicklung</p> <p>Bioanorganische Chemie: Vorkommen und Verfügbarkeit der Elemente, Typische Bioliganden, biochemische Rolle der Metalle, Physikalische Methoden, Sauerstoffkreislauf, Eisen: Aufnahme, Transport und Speicherung, Eisenproteine, Kupferproteine, Cobalamine, "Frühe" Übergangsmetalle: Mo, Sauerstoff-übertragende Mo-Enzyme, Stickstoff-Fixierung, Nickel - Urease / Hydrogenasen, Zink</p>
Teilnahmevoraussetzungen	keine, nicht kombinierbar mit Modul 13-121-0222
Literaturangabe	W. Kaim et al.: Bioanorganische Chemie, Teubner; Weitere Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Strukturelle Biochemie" (2SWS)
	Vorlesung "Bioanorganik" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-121-0324	Wahlpflicht

Modultitel **Chemische Biologie**

Modultitel (englisch) Concepts and Methods of Chemical Biology

Empfohlen für: 2. Semester

Verantwortlich Professur für Organische Chemie / Chemische Biologie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Sommersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Chemische Biologie" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 105 h
- Seminar "Chemische Biologie" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit • M.Sc. Chemie

Ziele Die Studierenden kennen chemisch-biologische Vorgehensweisen zur Untersuchung von Proteinfunktionen mittels niedermolekularer organischer Substanzen.

Inhalt

1. Prinzipielle Ansätze zur Entwicklung chemischer Molekülsonden für die Aufklärung von Proteinfunktionen
2. Assayformate für die Untersuchung biologischer Aktivitäten chemischer Substanzen
3. Enzyme als Zielstrukturen organischer Substanzen
4. Protein-Protein-Wechselwirkungen als Zielstrukturen für niedermolekulare organische Moleküle: Herausforderungen, Lösungsansätze und Fallbeispiele
5. Bioorthogonale Chemie

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Chemische Biologie" (3SWS)
	Seminar "Chemische Biologie" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-201-2219S	Wahlpflicht

Modultitel Grundlagen der Parallelverarbeitung (S)

Modultitel (englisch) Foundations of Parallel Processing (S)

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Professur für Schwarmintelligenz und Komplexe Systeme

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Grundlagen der Parallelverarbeitung" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h
- Seminar "Grundlagen der Parallelverarbeitung" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- M.Sc. Bioinformatik
- M.Sc. Data Science
- Lehramt Informatik

Ziele Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Grundlagen der Parallelverarbeitung" sind die Studierenden in Lage:

- grundlegende Begriffe und Konzepte der Parallelverarbeitung zu formulieren und zu erklären,
- grundlegende parallele algorithmische Verfahren und Rechnermodelle (u.a. Sortieralgorithmen, Hardware- Addition) zu analysieren und zu vergleichen und
- für grundlegende algorithmische Probleme selbständig parallele Lösungsverfahren zu entwerfen.

Inhalt Es wird eine der folgenden Vorlesungen und das Seminar gewählt.

Vorlesung "Parallele Algorithmen": Grundlegende Konzepte und Bewertungskriterien für parallele Algorithmen, PRAM-Modell, Parallele Algorithmen für grundlegende Probleme wie Sortieren oder Mergen, Grundlagen von Hardware Algorithmen.

Vorlesung "Parallele Berechnungsmodelle": Grundlegender Aufbau von Parallelrechnern, Einführung in realistische Parallelerechnermodelle, Varianten des BSP-Modells, Varianten des LogP-Modells, Auswirkungen der Modelle auf den Entwurf von Algorithmen, Algorithmische Lösung von Beispielproblemen.

Vorlesung "Rekonfigurierbare Rechensysteme": Einsatzbereiche rekonfigurierbarer Rechensysteme, Typen rekonfigurierbarer Rechensysteme, Aufbau von Field Programmable Gate Arrays (FPGAs), Theoretische Konzepte der Rekonfigurierbarkeit, Grundlegende Algorithmen zu dynamischer Rekonfiguration

Vorlesung "Entwurf und Implementierung paralleler Algorithmen": Parallele Plattformen, Entwurfsprinzipien, Analytische Modellierung, Parallele Programmierung für nachrichtengekoppelte und speichergekoppelte

Parallelrechner, Matrixmultiplikation, Sortieren, Graphenalgorithmen, Diskrete Optimierung, Dynamische Programmierung.

Seminar "Grundlagen der Parallelverarbeitung": Das Seminar behandelt ergänzende Arbeiten zu den Themen der Vorlesungen und befasst sich mit aktuellen wissenschaftlichen Abhandlungen aus der Parallelverarbeitung.

Teilnahmevoraussetzungen

Teilnahme am Modul "Algorithmen und Datenstrukturen 1" (10-201-2001-1) oder gleichwertige Kenntnisse.
Die Module 10-201-2219S und -2219V schließen sich gegenseitig aus.

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 20 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Grundlagen der Parallelverarbeitung" (2SWS)
Referat (45 Min.) mit schriftlicher Ausarbeitung (2 Wochen), mit Wichtung: 1	Seminar "Grundlagen der Parallelverarbeitung" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-201-2219V	Wahlpflicht

Modultitel Grundlagen der Parallelverarbeitung (V)

Modultitel (englisch) Foundations of Parallel Processing (V)

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Professur für Schwarmintelligenz und Komplexe Systeme

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Grundlagen der Parallelverarbeitung" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h
- Vorlesung mit seminaristischem Anteil "Grundlagen der Parallelverarbeitung 2" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- M.Sc. Bioinformatik
- M.Sc. Data Science
- Lehramt Informatik

Ziele Nach der aktiven Teilnahme am Modul „Grundlagen der Parallelverarbeitung“ sind die Studierenden in Lage:

- grundlegende Begriffe und Konzepte der Parallelverarbeitung zu formulieren und zu erklären,
- grundlegende parallele algorithmische Verfahren und Rechnermodelle (u.a. Sortieralgorithmen, Hardware- Addition) zu analysieren und zu vergleichen und
- für grundlegende algorithmische Probleme selbständig parallele Lösungsverfahren zu entwerfen.

Inhalt Studierende wählen die grundlegende Vorlesung "Parallele Algorithmen" und eine weiterführende Vorlesung.

Parallele Algorithmen: Grundlegende Konzepte und Bewertungskriterien für parallele Algorithmen, PRAM-Modell, Parallele Algorithmen für grundlegende Probleme wie Sortieren oder Mergen, Grundlagen von Hardware Algorithmen.

Weiterführende Vorlesungen

1. Parallele Berechnungsmodelle: Grundlegender Aufbau von Parallelrechnern, Einführung in realistische Parallelerrechnermodelle, Varianten des BSP-Modells, Varianten des LogP-Modells, Auswirkungen der Modelle auf den Entwurf von Algorithmen, Algorithmische Lösung von Beispielproblemen.

2. Rekonfigurierbare Rechensysteme: Einsatzbereiche rekonfigurierbarer Rechensysteme, Typen rekonfigurierbarer Rechensysteme, Aufbau von Field Programmable Gate Arrays (FPGAs), Theoretische Konzepte der Rekonfigurierbarkeit, Grundlegende Algorithmen zu dynamischer Rekonfiguration

In unregelmäßigen Abständen wird die grundlegende Vorlesung durch die folgende Vorlesung ersetzt:

Entwurf und Implementierung paralleler Algorithmen: Parallele Plattformen, Entwurfsprinzipien, Analytische Modellierung, Parallele Programmierung für nachrichtengekoppelte und speichergekoppelte Parallelrechner, Matrixmultiplikation, Sortieren, Graphenalgorithmen, Diskrete Optimierung, Dynamische Programmierung.

Teilnahmevoraussetzungen

Teilnahme am Modul "Algorithmen und Datenstrukturen 1" (10-201-2001-1) oder gleichwertige Kenntnisse.
Die Module 10-201-2219S und -2219V schließen sich gegenseitig aus.

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 20 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Grundlagen der Parallelverarbeitung" (2SWS)
	Vorlesung mit seminaristischem Anteil "Grundlagen der Parallelverarbeitung 2" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2201	Wahlpflicht

Modultitel	Wissenschaftliche Visualisierung
Modultitel (englisch)	Scientific Visualization
Empfohlen für:	3. Semester
Verantwortlich	Professur für Bild- und Signalverarbeitung
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Wissenschaftliche Visualisierung" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 120 h Selbststudium = 180 h • Praktikum "Wissenschaftliche Visualisierung" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 120 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • M.Sc. Bioinformatik • M.Sc. Biologie • M.Sc. Data Science • M.Sc. Informatik • M.Sc. Medizininformatik • M.Sc. Wirtschaftspädagogik (zweites Fach Informatik) • Staatsexamen Lehramt Informatik
Ziele	Nach der aktiven Teilnahme am Vertiefungsmodul Wissenschaftliche Visualisierung können die Studierenden alle Grundkonzepte der wissenschaftlichen Visualisierung skizzieren. Die Studierenden können beurteilen, welches wissenschaftliche Visualisierungsverfahren der für eine bestimmte Aufgabe am besten geeignete Ansatz ist. Die Studierenden können grundlegende Verfahren der wissenschaftlichen Visualisierung in Programmen selbständig implementieren.
Inhalt	<p>Das Modul umfasst eine Vorlesung und ein Praktikum, die beide zu belegen sind. Die wissenschaftliche Visualisierung beschäftigt sich mit der Nutzung der Computergrafik zur Generierung von Bildern und Animationen, die einer verbesserten Auswertung von Experimenten und Simulationen durch den Menschen dienen. Sie gehört in vielen Disziplinen zu den grundlegenden Techniken der Datenauswertung. Die Vorlesung behandelt vor allem Prinzipien, Methoden und erfolgreiche Beispiele zur Visualisierung von Felddaten, wie sie bei Simulationen und Messungen in Physik, Chemie, Meteorologie und den Ingenieurwissenschaften, aber auch der Medizin auftreten. Ferner werden Aspekte des Entwurfs von Visualisierungssystemen behandelt. Themen sind u. a. Datenpräsentation, Grundlagen aus Theorie und Anwendungsdomänen, direkte Visualisierung, geometrische Visualisierung, Direct Volume Rendering, topologische Visualisierung, struktur- und merkmalsorientierte Visualisierung, Visualisierungssysteme.</p> <p>Das Praktikum dient der eigenständigen Umsetzung von Verfahren aus der Vorlesung und aktuellen Publikationen, wobei auch Erfahrungen zur Entwicklung ganzer Visualisierungssysteme gewonnen werden.</p>

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung (Präsentation (30 Min) mit schriftlicher Ausarbeitung) im Praktikum, Bearbeitungszeit (8 Wochen)</i>	
	Vorlesung "Wissenschaftliche Visualisierung" (4SWS)
	Praktikum "Wissenschaftliche Visualisierung" (4SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-202-2205	Pflicht

Modultitel **Graphen und biologische Netze**

Modultitel (englisch) Graphs and Biological Nets

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Professur für Bioinformatik

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Einführungsvorlesung Graphentheorie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 56 h Selbststudium = 86 h
- Vorlesung "Aktuelle Forschungsthemen aus dem Bereich Graphen und biologische Netze" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h
- Seminar "Seminar zur Spezialvorlesung" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 28 h Selbststudium = 43 h
- Praktikum "Praktikum" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 83 h Selbststudium = 128 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- M.Sc. Biochemie
- M.Sc. Bioinformatik
- M.Sc. Biologie
- M.Sc. Data Science
- M.Sc. Medizininformatik

Ziele

Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Graphen und Biologische Netze" sind die Studierenden in der Lage:

- grundlegende Begriffe und Konzepte der Graphentheorie zu formulieren und zu erklären,
- biologische Fragestellungen als graphentheoretische Probleme zu modellieren und mithilfe geeigneter algorithmischer Ansätze zu lösen und
- die Ergebnisse im Kontext der biologischen Fragestellung zu interpretieren und kritisch zu diskutieren.

Inhalt

Grundvorlesung:

- Grundlegende Eigenschaften von Graphen: Zusammenhang, Planarität, Kreise, Färbungen
- Zufallsgraphen

Spezialvorlesung/ Seminar: aktuelle Forschungsthemen, z.B.

- Metabolische Netzwerke: Flussanalyse, Organisationen, Netzwerk-Evolution
- Genregulationsnetzwerke: Dynamik, Stabilität,
- Modelle komplexer biologischer Netzwerke: Wachsende Netzwerke, Skalenfreiheit, Selbstähnlichkeit

- Lehrsprache: englisch oder deutsch
 - Prüfungssprache: englisch oder deutsch

Die Festlegung hierzu erfolgt vor der Moduleinschreibung auf elektronischem Weg

(Vorlesungsverzeichnis) oder zu Beginn der Veranstaltung durch den Dozenten/ die Dozentin.

Teilnahmevoraussetzungen

keine

Literaturangabe

Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten

Für die Vergabe von Leistungspunkten müssen alle vorgesehenen Studienleistungen erbracht sowie die Prüfungsleistung bestanden sein.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: • Referat (30 Min.) im Seminar,</i>	
<i>• Praktikumsleistung als schriftliche Ausarbeitung im Praktikum, Bearbeitungszeit 8 Wochen</i>	
	Vorlesung "Einführungsvorlesung Graphentheorie" (2SWS)
	Vorlesung "Aktuelle Forschungsthemen aus dem Bereich Graphen und biologische Netze" (1SWS)
	Seminar "Seminar zur Spezialvorlesung" (1SWS)
	Praktikum "Praktikum" (3SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-MAT-BH1011	Wahlpflicht

Modultitel **Analysis 1**

Modultitel (englisch) Analysis 1

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Leitung des Mathematischen Instituts

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Analysis I" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 105 h Selbststudium = 165 h
- Übung "Analysis I" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 105 h Selbststudium = 135 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit • Pflichtmodul im Bachelor Lehramt Mathematik (Schwerpunkt: Höhere Mathematik)

Ziele Vertrautmachen mit grundlegenden analytischen Begriffsbildungen und dem deduktiven Aufbau der Mathematik, Einführung in mathematische Beweistechniken

Inhalt

Themen der Vorlesung:

- Mengen und Relationen
- Zahlbereiche (einschließlich Induktionsprinzip, Abzählbarkeit)
- Folgen und Reihen (einschließlich Potenzreihen) und ihre Konvergenz
- Funktionenfolgen und -reihen
- Stetigkeit von Funktionen einer Veränderlichen
- Elementare Funktionen (z.B. Exponentialfunktion, trigonometrische Funktionen und Umkehrfunktionen)
- Differentiation und Integration von Funktionen einer Veränderlichen (einschließlich Fundamentalsatz, Taylorentwicklung, uneigentliche Integrale).

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe keine

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1 <i>Prüfungsvorleistung: (Lösen von Aufgaben mit Erfolgskontrolle (50% müssen korrekt gelöst sein) zur Übung)</i>	Vorlesung "Analysis I" (4SWS)
	Übung "Analysis I" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-MAT-BH1012	Wahlpflicht

Modultitel **Lineare Algebra 1**

Modultitel (englisch) Linear Algebra 1

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Leitung des Mathematischen Instituts

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Lineare Algebra 1" (4 SWS) = 60 h Präsenzzeit und 105 h Selbststudium = 165 h
- Übung "Lineare Algebra 1" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 105 h Selbststudium = 135 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Lehramt Mathematik
- B.Sc. Wirtschaftspädagogik (zweite Fachrichtung Mathematik)

Ziele Vertrautmachen mit grundlegenden algebraischen Begriffsbildungen und dem axiomatisch deduktiven Aufbau der Mathematik, Entwicklung des Denkens in abstrakten Strukturen, Verstehen und Führen von korrekten mathematischen Beweisen.

Inhalt Vorlesungen zur linearen Algebra:
Mathematische Grundlagen, Lineare Gleichungssysteme, Grundbegriffe der Algebra (Gruppe, Körper, Vektorraum) und Beispiele, Basis und Dimension, Grundlagen der Matrizen­theorie, lineare Abbildungen und darstellende Matrix, Determinanten, Eigenwerte.

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe keine

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung:	
Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1 <i>Prüfungsvorleistung: (Lösen von Aufgaben mit Erfolgskontrolle (50% müssen korrekt gelöst sein) zur Übung)</i>	Vorlesung "Lineare Algebra 1" (4SWS)
	Übung "Lineare Algebra 1" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	11-202-5102	Wahlpflicht

Modultitel Grundlagen der Strukturanalytik

Modultitel (englisch) Foundations of Structural Analytics

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Institut für Biochemie, Professur für Biophysikalische Chemie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Grundlagen der Strukturanalytik" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 65 h Selbststudium = 110 h
- Übung "Grundlagen der Strukturanalytik" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 70 h Selbststudium = 100 h
- Praktikum "Grundlagen der Strukturanalytik" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 90 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit • Wahlmodul im M.Sc. Informatik (max. 4 Teilnehmer)

Ziele Theoretisches und praktisches Verständnis der Instrumentellen Analytik und ihrer Methoden, Erlernen der Interpretation der Spektren einzelner Methoden.

Inhalt Grundzüge in Theorie und Praxis der Absorptions- und Emissionsspektroskopie, der Röntgenstrukturanalyse und der Massenspektrometrie.

Die Lehrveranstaltungen können durch Tutorien begleitet werden.

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe unter www.biochemie.uni-leipzig.de/col

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 120 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Grundlagen der Strukturanalytik" (3SWS)
	Übung "Grundlagen der Strukturanalytik" (2SWS)
	Praktikum "Grundlagen der Strukturanalytik" (3SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	11-BIO-0705	Wahlpflicht

Modultitel	Neurobiologie 1: In vivo und in vitro Physiologie von Neuronen
Modultitel (englisch)	Neurobiology I: In Vivo and in Vitro Physiology of Neurons
Empfohlen für:	3. Semester
Verantwortlich	Institut für Biologie, Professur für Allgemeine Zoologie und Neurobiologie
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Wintersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Neurobiologie 1: In vivo und in vitro Physiologie von Neuronen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 40 h Selbststudium = 70 h • Praktikum "Neurobiologie 1: In vivo und in vitro Physiologie von Neuronen" (5 SWS) = 75 h Präsenzzeit und 110 h Selbststudium = 185 h • Seminar "Neurobiologie 1: In vivo und in vitro Physiologie von Neuronen" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h
Arbeitsaufwand	10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> • Pflichtmodul im M.Sc. Biologie Schwerpunkt Neurobiologie und Verhalten • Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biologie • M.Sc. Bioinformatik • M.Sc. Informatik • M.Sc. Psychologie
Ziele	<p>Erarbeitung von Kenntnissen und Verständnis der zellulären Neurobiologie Beherrschen der theoretischen und praktischen Durchführung neurobiologischer Experimente mit Methoden der Elektrophysiologie, Ca- Imaging, Elektroencephalographie, Psychoakustik Erlernen von Datenanalysen mittels Software Paketen und graphische Dokumentationen Unter Anleitung Einüben von Präsentationen wissenschaftlicher Fragestellungen sowie Abfassen wissenschaftlicher Berichte</p>
Inhalt	<ul style="list-style-type: none"> • Struktur und Funktion des Nervensystems von Säugetieren • Physiologische Leistungen sensorischer Signalverarbeitung • Elektrophysiologische in vitro und in vivo Techniken <p>Die Lehrveranstaltungen können durch Tutorien begleitet werden.</p>
Teilnahmevoraussetzungen	keine
Literaturangabe	Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Für die Vergabe von Leistungspunkten müssen alle vorgesehenen Studienleistungen erbracht sowie die Prüfungsleistung bestanden sein.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: • 1 Seminarvortrag (15 Min.), • 1 Protokoll zum Praktikum (2 Wochen)</i>	
	Vorlesung "Neurobiologie 1: In vivo und in vitro Physiologie von Neuronen" (2SWS)
	Praktikum "Neurobiologie 1: In vivo und in vitro Physiologie von Neuronen" (5SWS)
	Seminar "Neurobiologie 1: In vivo und in vitro Physiologie von Neuronen" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	11-BIO-0740	Wahlpflicht

Modultitel **Biodiversität und Ökosystemfunktionen**

Modultitel (englisch) Biodiversity and Function of Ecological Systems

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Institut für Biologie, Professur für Spezielle Botanik und funktionelle Biodiversität

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Biodiversität und Ökosystemfunktionen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h
- Praktikum "Biodiversität und Ökosystemfunktionen" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 90 h
- Übung "Quantitative Methoden der funktionellen Biodiversitätsforschung" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 60 h
- Seminar "Biodiversität und Ökosystemfunktionen" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h

Arbeitsaufwand 10 LP = 300 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Wahlpflichtmodul im M.Sc. Biologie
- Wahlpflichtmodul im M.Sc. Bioinformatik
- Wahlmodul im M.Sc. Informatik

Ziele Vermittlung der Grundlagen der funktionellen Biodiversitätsforschung (Zusammenhang zwischen pflanzlicher Vielfalt und deren Wirkung auf Ökosystemprozesse von der lokalen bis zur globalen Skala); Befähigung zur Unterscheidung verschiedener Ebenen der Wirkungsweisen (Diversität versus Identität); Kennenlernen einer jungen interdisziplinären Wissenschaftsdisziplin; Einführung in die experimentellen und quantitativen Ansätze; Erlernen von modernen statistischen Verfahren mit den Skriptsprachen R und WinBUGS; Verwendung von Internetdatenbanken; Interpretation und Präsentation von Forschungsergebnissen; kritischer Umgang mit der Literatur

Inhalt

- (i) Definition, Entstehung und globale Muster der pflanzlichen Diversität;
- (ii) Überblick über die funktionellen Merkmale der Pflanzen (physiologische, anatomische, morphologische, demographische) und ihre Relevanz für verschiedene Ökosystemprozesse;
- (iii) Definition und Quantifizierung funktioneller Diversität und Identität und ihrer Muster (funktionelle Biogeographie);
- (iv) Interaktionen mit Mikroorganismen und Tieren;
- (v) Interaktion mit natürlichen und anthropogenen Störungen;
- (vi) Überblick über die Mechanismen von Diversitäts-Funktionsbeziehungen;
- (vii) Methoden der funktionellen Biodiversitätsforschung (theoretische, feldökologische und experimentelle Ansätze);
- (viii) politische Dimension (Ökosystemdienstleistungen, „Biodiversitätskrise“, internationale Abkommen, Naturschutz).

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe <http://alfresco.uni-leipzig.de/spezbot/>

Vergabe von Leistungspunkten Für die Vergabe von Leistungspunkten müssen alle vorgesehenen Studienleistungen erbracht sowie die Prüfungsleistung bestanden sein.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: 1 Seminarvortrag (20 Min.), 1 Protokoll zum Praktikum</i>	
	Vorlesung "Biodiversität und Ökosystemfunktionen" (2SWS)
	Praktikum "Biodiversität und Ökosystemfunktionen" (3SWS)
	Übung "Quantitative Methoden der funktionellen Biodiversitätsforschung" (1SWS)
	Seminar "Biodiversität und Ökosystemfunktionen" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	12-PHY-BW3CS1	Wahlpflicht

Modultitel Introduction to Computer Simulation I

Modultitel (englisch) Introduction to Computer Simulation I

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Leiter:in der Abteilung Computer-orientierte Quantenfeldtheorie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Computer Simulation I" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h
- Übung "Computer Simulation I" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 45 h Selbststudium = 75 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- B.Sc. Physik
- B.Sc. IPSP
- Lehramt Physik

Ziele Die Studierenden sind nach der aktiven Teilnahme am Modul in der Lage, die wesentlichen Konzepte und Methoden von Computersimulationen einzuordnen und unterschiedliche Lösungsstrategien zu analysieren. Sie kennen gängige Verfahren und deren Anwendung auf Beispiele aus der statistischen Physik. Die Studierenden können eigene Programmcodes für Modellprobleme erarbeiten, deren Leistungsfähigkeit testen und die Aussagekraft durch Vergleiche mit bekannten Grenzfällen überprüfen.

Inhalt

Molekulare Modellierung von Vielteilchensystemen:

- Grundbegriffe der Statistischen Physik (Statistische Gesamtheiten und Mittelwertbildung, Verteilungs- und Korrelationsfunktionen, thermodynamische Funktionen und Transportkoeffizienten)
- Computersimulationen von Vielteilchensystemen (Prinzipielle Methoden und Algorithmen, statistisch-mechanische Auswertungen)
- Molekulardynamik (MD) im NVE - Ensemble und mit Thermalisierung (NVT)
- Metropolis Monte-Carlo (MC)
- Auswertungen und Beziehung zum Experiment
- Anwendungen der MD- und MC-Methoden auf einfache Systeme

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe

- M.P. Allen and D.J. Tildesley, Computer simulation of liquids, Clarendon Press, Oxford, 1987.
- R. Haberlandt, S. Fritzsche, G. Peinel, K. Heinzinger, Molekulardynamik - Grundlagen und Anwendungen, mit Kapitel von H.L. Vörtler, Abriss der Monte-Carlo-Methode, Vieweg, Wiesbaden, 1995
- D. Frenkel and B. Smit, Understanding Molecular Simulations; From Algorithms to Applications, Academic Press, San Diego, London, 2002

Vergabe von Leistungspunkten

Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss der Module vergeben.
Näheres regelt die Prüfungsordnung

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 60 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Wöchentlich ausgegebene Übungsaufgaben zu Fragen aus dem Bereich des Modulinhalts. Für die Lösung werden Punkte vergeben. Voraussetzung für die Zulassung zur Prüfung ist der Erwerb von 50% der möglichen Punkte des gesamten Semesters.</i>	
	Vorlesung "Computer Simulation I" (2SWS)
	Übung "Computer Simulation I" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-111-0631-N	Wahlpflicht

Modultitel Einführung in die Theoretische Chemie

Modultitel (englisch) Introduction to Theoretical Chemistry

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Professur für Theoretische Chemie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Einführung in die Theoretische Chemie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h
- Praktikum "Einführung in die Theoretische Chemie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit Pflichtmodul im Bachelor of Science Chemie

Ziele Die Studierenden kennen die Grundlagen der Theoretischen Chemie und beherrschen deren Methoden und Anwendungen.

Inhalt Notwendigkeit der Quantentheorie. Historie. Die zeitunabhängige Schrödinger-Gleichung. Elektron im Potentialkasten. Harmonischer Oszillator. Starrer Rotator. Wasserstoffatom. Qualitative Aspekte der Mehrelektronenatome. Chemische Bindung. Molekülsymmetrie. Molekülschwingungen. Hückelsche MO-Theorie. Elektronenstruktur und Bindungseigenschaften von pi-Elektronen-Systemen und Allvalenzelektronen-Systemen.

Teilnahmevoraussetzungen Abschluss des Moduls "Einführung in die Physikalische Chemie I" (13-111-0411-X)

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
<i>Prüfungsvorleistung: Praktikumsleistung (5 Versuche/ 5 Antestate/ 5 Protokolle/ 5 Abtestate)</i>	
	Vorlesung "Einführung in die Theoretische Chemie" (2SWS)
	Praktikum "Einführung in die Theoretische Chemie" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	13-121-0318	Wahlpflicht

Modultitel **Reaktivität in der Organischen Chemie - Organokatalyse**

Modultitel (englisch) Reactivity in Organic Chemistry - Organocatalysis

Empfohlen für: 3. Semester

Verantwortlich Professur für Organische Chemie / Synthese & Katalyse

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Reaktivität in der Organischen Chemie - Organokatalyse" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 105 h
- Seminar "Reaktivität in der Organischen Chemie - Organokatalyse" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit • M.Sc. Chemie

Ziele Die Studierenden beherrschen die wichtigsten Konzepte polarer und radikalischer Reaktivität und können diese für (katalytische) Synthesemethoden für Feinchemikalien, Wirkstoffe etc. anwenden.

Inhalt Im Rahmen der Vorlesung werden insbesondere Grundprinzipien der organischen Reaktivität besprochen und wie diese in katalytischen Verfahren anwendbar sind. In diesem Kontext werden organokatalytische Methoden zur Aktivierung behandelt. Dabei werden generelle Reaktivitätsprinzipien, Verfahren zur Reaktionsoptimierung und zur Mechanismusaufklärung an Beispielen diskutiert. Neben kovalenten Katalysen sind auch nicht-kovalente Verfahren wie Säure,- Wasserstoffbrücken- oder Gegenionenkatalyse und deren Kombinationen Gegenstand des Vorlesungsinhalts.

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 90 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Reaktivität in der Organischen Chemie - Organokatalyse" (3SWS)
	Seminar "Reaktivität in der Organischen Chemie - Organokatalyse" (1SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	10-INF-BI03	Pflicht

Modultitel	Theoretische Biologie
Modultitel (englisch)	Theoretical Biology
Empfohlen für:	4. Semester
Verantwortlich	Professur für Bioinformatik
Dauer	1 Semester
Modulturnus	jedes Sommersemester
Lehrformen	<ul style="list-style-type: none"> • Vorlesung "Theoretische Biologie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 60 h • Übung "Theoretische Biologie" (2 SWS) = 30 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 90 h
Arbeitsaufwand	5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)
Verwendbarkeit	<ul style="list-style-type: none"> - Vertiefungsmodul im M.Sc. Bioinformatik - M.Sc. Informatik - Master of Science Biochemie - Master of Science Biologie
Ziele	<p>Nach der aktiven Teilnahme am Modul "Theoretische Biologie" sind die Studierenden in der Lage:</p> <ul style="list-style-type: none"> - grundlegende Begriffe der Lebenswissenschaften mathematisch zu modellieren, - diese mathematischen Modelle mit numerischen und analytischen Verfahren zu analysieren, - die Vor- und Nachteile verschiedener Modellklassen in konkreten Anwendungsfällen abzuwägen und - die Grenzen der Gültigkeit von Modellen und Modellannahmen zu bewerten.
Inhalt	<ul style="list-style-type: none"> - Grundbegriffe - Grundlagen der Theorie Dynamischer Systeme - Modelle aus der Populationsdynamik - Modelle zur Musterbildung - Modelle aus der Evolutions- und Entwicklungsbiologie
Teilnahmevoraussetzungen	keine
Literaturangabe	Hinweise zu Literaturangaben erfolgen in den Lehrveranstaltungen.
Vergabe von Leistungspunkten	Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen**Modulprüfung: Mündliche Prüfung 30 Min., mit Wichtung: 1***Prüfungsvorleistung: 50% der Punkte auf die Übungsaufgaben*

	Vorlesung "Theoretische Biologie" (2SWS)
	Übung "Theoretische Biologie" (2SWS)

Master of Science Bioinformatik

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Master of Science	11-111-1151-N	Wahlpflicht

Modultitel Einführung in die Biochemie

Modultitel (englisch) Introduction to Biochemistry

Empfohlen für: 5. Semester

Verantwortlich Professur für Biochemie/ Bioorganische Chemie

Dauer 1 Semester

Modulturnus jedes Wintersemester

Lehrformen

- Vorlesung "Einführung in die Biochemie" (3 SWS) = 45 h Präsenzzeit und 60 h Selbststudium = 105 h
- Seminar "Einführung in die Biochemie" (1 SWS) = 15 h Präsenzzeit und 30 h Selbststudium = 45 h

Arbeitsaufwand 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload)

Verwendbarkeit

- Pflichtmodul im Bachelor of Science Chemie
- M.Sc. Bioinformatik

Ziele Kenntnisse über die Grundlagen der biochemisch relevanten Moleküle

Inhalt Moleküle, die eine besondere Bedeutung für biochemisch relevante Fragestellungen haben, werden im Rahmen dieses Moduls besprochen. Dabei handelt es sich um Aminosäuren, Peptide, Proteine, Nukleinsäuren, Lipide und Kohlenhydrate. Im Einzelnen werden die wichtigsten Strukturen, deren Vorkommen und Bedeutung in der Biologischen Chemie erarbeitet. Einige wesentliche Reaktionen im Bereich der Nukleinsäurebiochemie und der Proteinbiosynthese werden besprochen, u. a. Replikation, Transkription und Translation. Einfache Regulationskreisläufe und Funktionen membrangebundener Proteine werden erarbeitet.

Teilnahmevoraussetzungen keine

Literaturangabe Voet, Voet, Pratt: Grundlagen der Biochemie; www.biochemie.uni-leipzig.de/col

Vergabe von Leistungspunkten Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.

Prüfungsleistungen und -vorleistungen

Modulprüfung: Klausur 60 Min., mit Wichtung: 1	
	Vorlesung "Einführung in die Biochemie" (3SWS)
	Seminar "Einführung in die Biochemie" (1SWS)