

Akademischer Grad	Modulnummer	Modulform
Bachelor of Science	10-...	Wahl
<b>Modultitel</b>	<b>Multimodales Maschinelles Lernen in der Molekularen Biomedizin: Methoden und Anwendungen</b>	
<b>Modultitel (englisch)</b>	<b>Multimodal Machine Learning in Molecular Biomedicine: Methods and Applications</b>	
<b>Empfohlen für:</b>	Fachsemester 3	
<b>Verantwortlich</b>	Dr. Kristin Reiche	
<b>Dauer</b>	1	
<b>Modulturnus</b>	WiSe 2024//25	
<b>Lehrformen</b>	4 SWS (10 Credits)	
<b>Arbeitsaufwand</b>	<i>(Angabe des Gesamtworkloads; 10 LP = 300 Arbeitsstunden bzw. 5 LP = 150 Arbeitsstunden (Workload))</i>	
<b>Verwendbarkeit</b>	Data Science (M. Sc.), Bioinformatik (M. Sc.), Medizininformatik (M. Sc.)	
<b>Qualifikationsziele</b>	<p>Nach erfolgreicher Teilnahme sind die Studierenden in der Lage:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• einen Überblick über multimodale maschinelle Lernverfahren (ML-Verfahren) in der biomedizinischen Forschung zu geben sowie ihren Einsatz in der biomedizinischen Diagnostik zu diskutieren (Fokus auf Genomik, Transkriptomik, Einzelzellanalysen, räumliche Transkriptomik),</li> <li>• Daten für Training und Validierung von multimodalen ML-Verfahren in der Biomedizin vorzubereiten,</li> <li>• Training und Validierung von ausgewählten multimodalen ML-Verfahren anzuwenden,</li> <li>• regulatorische Rahmenbedingungen für den Transfer der ML-Verfahren in die Anwendung, z.B. Softwarekomponente in In-vitro-Diagnostika, zu benennen.</li> </ul>	
<b>Inhalt</b>	<p><b>Wesentliche Inhalte sind:</b></p> <p><b>Einführung:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Einführung in Multimodale Maschinelle Lernverfahren (Definition)</li> <li>- Grundlagen des maschinellen Lernens (Methodenübersicht)</li> <li>- Bedeutung von Multimodalen ML-Verfahren in der Molekularen Biomedizin</li> </ul> <p><b>Molekulare Biomedizinische Daten:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Übersicht Arten von molekularen biomedizinischen Daten (genetische Daten, zelluläre Daten, Daten für die Beschreibung von Zell-Zell-Interaktionen)</li> <li>- Aufbereitung der Daten (Vorverarbeitung und Normalisierung, biomedizinische Ontologien und Standards für Datenformate)</li> <li>- Integration heterogener Datenquellen</li> <li>- Methoden der Integration, Harmonisierung und Normalisierung von molekularen Daten</li> </ul> <p><b>Multimodales maschinelles Lernen in der molekularen Biomedizin</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Feature Engineering (Erstellen von Merkmalen aus Daten, Umwandlung/Imputation fehlender oder ungültiger Merkmale, Dimensionsreduktion, Feature Selektion)</li> <li>- Modellierung (Modellauswahl, -training, -evaluation)</li> <li>- Klassische ML Methoden in der molekularen Biomedizin (z. Bsp. Multivariate Regression, Random Forests)</li> <li>- Moderne ML Methoden in der molekularen Biomedizin (Variational Autoencoder, generative Modelle für multimodale Einzelzelldaten)</li> </ul>	

	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Populationsbasierte vs. Individuen-spezifische Modelle</li> <li>- Besonderheiten und Limitationen der behandelten Methoden</li> </ul> <p><b>Anwendungen:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Anwendungen in der Biomedizin (Anwendungen in der Molekular- und Zellbiologie, Multimodale Einzelzellanalysen, Spatial Transcriptomics)</li> <li>- Multimodales maschinelles Lernen in der klinischen Forschung, Diagnostik und personalisierten Medizin (z.B. Zellannotation, Vorhersagemodelle für Diagnose und Prognose, Konzept von Digitalen Zwillingen in der Biomedizin)</li> <li>- Multimodale maschinelle Lernverfahren für In-vitro-Diagnostika (Einführung in Vorschriften für die Zulassung von In-vitro-Diagnostika, Software-Lebenszyklus, Research Software Engineering, Interoperabilität, Beispiele für biomedizinische Softwareanwendungen in der personalisierten Medizin)</li> </ul> <p><b>Praktikum:</b> Begleitend zur Vorlesung (2 SWS) wird ein Praktikum (2 SWS) angeboten in dem die Studierenden selbständig Aufgaben zu ausgewählten Themen der Vorlesung bearbeiten</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Lehrsprache: englisch oder deutsch</li> <li>- Prüfungssprache: englisch oder deutsch</li> </ul> <p>Die Festlegung hierzu erfolgt vor der Moduleinschreibung auf elektronischem Weg (Vorlesungsverzeichnis) oder zu Beginn der Veranstaltung durch den Dozenten/die Dozentin.</p>	
<p><b>Teilnahmevoraussetzungen</b></p>	<p>Master of Science Data Science: Grundkenntnisse in Statistik, Genetik und Molekularbiologie, Fortgeschrittene Kenntnisse in R und Python</p> <p>Master of Science Bioinformatik: Grundkenntnisse in Statistik, Genetik und Molekularbiologie, Fortgeschrittene Kenntnisse in R und Python</p> <p>Master of Science Medizininformatik: Grundkenntnisse in Statistik, Genetik und Molekularbiologie, Fortgeschrittene Kenntnisse in R und Python</p>	
<p><b>Literaturangabe</b></p>	<p>Literaturliste wird zu Beginn der Veranstaltung bekanntgegeben.</p>	
<p><b>Vergabe von Leistungspunkten</b></p>	<p>Leistungspunkte werden mit erfolgreichem Abschluss des Moduls vergeben. Näheres regelt die Prüfungsordnung.</p>	
<p><b>Prüfungsleistungen und Prüfungsvorleistungen</b></p>	<p><b>Prüfungsvorleistung:</b> Erfolgreiche Teilnahme am Praktikum belegt durch Präsentation der Ergebnisse in Form eines wissenschaftlichen Posters (Gruppenarbeit möglich)</p>	<p><b>Prüfungsleistung:</b> Mündliche Prüfung (20min)</p> <p><i>(Angabe der LV, in der die Prüfung stattfindet)</i></p>