

Studienplan für das Bachelornebenfachmodul und das Masternebenfachmodul „Life Science“ im Studiengang Informatik

Prüfungsmodalitäten:

Der Studierende wählt Vorlesungen bzw. Vorlesungsteile (s. u.) und erstellt einen formlosen Studienplan, den er vor Beginn mit dem Studienberater Herrn Dr. Stahl, Naturwissenschaftliche Fakultät, Institut für Technische Chemie, (<http://www.tci.uni-hannover.de/>) bespricht. Zur Anerkennung als Nebenfach sind mindestens 12 Leistungspunkte erforderlich.

Der Studierende lässt sich die Teilnahme an den einzelnen Vorlesungen bzw. Vorlesungsteilen von dem Dozenten auf einer Anwesenheitsliste bestätigen, die der Dozent Herrn Dr. Stahl zukommen lässt.

Zum Abschluss des Moduls findet eine auf die jeweiligen Lehrveranstaltungsinhalte abgestimmte Modulprüfung statt. Zur Anmeldung bitte das Formblatt im Prüfungsamt verwenden.

Prüfer: Prof. Scheper, Dr. Lindner, Dr. Stahl

Prüfungsleistung: mündlich, 30 min. oder Klausur 60 min.

Vorlesungen zur Auswahl im Bachelorstudium				
	Lehrveranstaltungen	Turnus	SWS	Leistungspunkte
	Genetik	WS	2	3
	Zellbiologie (davon nur einige Termine)	WS	2	1
	Bioanalytik	SoSe	2	3
	Bioprosesstechnik (davon nur einige Termine)	SoSe	2	2
	Bioinformatik I	WS	2	3
	Bioinformatik II	SoSe	2	3
	Programmieren von Algorithmen	WS	3 V + 2 S	6

Vorlesungen zur Auswahl im Masterstudium				
	Lehrveranstaltungen	Turnus	SWS	Leistungspunkte
	Grundmodul Bioinformatik (für MSc)	WS	2 V + 3 S	6
	Modellierung von Bioprosessen	WS	1 V + 1 Ü + 3 P	6
	Modellierung von metabolischen und regulatorischen Netzwerken	WS	1 V + 1 Ü + 3 P	6

Details zu den Lehrveranstaltungen

Über weitere Details informieren Sie sich bitte auf <http://www.life-science.uni-hannover.de/> oder im Vorlesungsverzeichnis der LUH (<http://qis.verwaltung.uni-hannover.de/qisserver/rds?state=wtree&search=1&menuid=lectureindex>)

Genetik

(3 LP, Prof. Schmitz, WS, die gesamte Vorlesung läuft ab der 6. Vorlesungswoche bis Weihnachten)

- Mendelsche Regeln
- Grundbegriffe der Genetik
- Gen, Allel, Mutationen
- Kopplung/Chromosomentheorie der Vererbung
- Funktionelle Moleküle des Erbgeschehens: DNA, RNA
- Rekombination (bei Pro- und Eukaryonten)
- Genstrukturen Pro-/Eukaryonten
- Transkription und Translation
- Transkriptionskontrolle
- Werkzeuge der molekularen Genetik: Bakterielle Restriktionsenzyme, Klonierung
- Retroviren, reverse Transkriptase, Genbanken
- Grundbegriffe der Humangenetik

Zellbiologie

(1LP, Prof. Ngezahayo, WS, nur der Vorlesungsanteil der 1. bis 4. Vorlesungswoche)

- Unterschiede Pro- und Eukaryoten
- Aufbau der eukaryotischen Zelle
- Zellmembranen
- Zellorganellen
- Proteintargeting
- Zytoskelett
- Zellbewegung
- Zellteilung
- Zelluläre Organisation in Geweben

Bioanalytik

(3 LP, Dr. Stahl, SoSe, nur der Vorlesungsanteil zu Genomics/Transcriptomics, 2-3 Vorlesungswochen)

- Prinzip der PCR (Polymerase Chain Reaction), Anwendungen
- Sequenzierung der DNA, Molekulare Marker, Elektrophorese, Northern-/Southern-Blot
- Microarray Chiptechnologie
- Grundlagen der Sensorik/Aktorik

Bioprozesstechnik

(2 LP, SoSe, Prof. Scheper, nur ein Vorlesungsanteil, 3-4 Vorlesungswochen ab Mitte des Sommersemesters)

- Grundlagen technischer Reaktoren
- Enzymtechnik, Biotransformation
- Kinetik des Wachstums
- Wachstumsmodelle
- Prozessführung
- Prozesskontrolle, -regelung und -modellierung

Bioinformatik I

(3 LP, Prof. Lindner, Themen nach Bedarf s.u., WS)

- Lineare Programmierung
- Stoffflussanalyse
- Simplex-Algorithmus und Lagrange-Multiplikator
- Genetischer Algorithmus
- Markov Ketten
- Fisher-Informations-Matrizen (für Funktionen)
- Versuchsplanung
- Neuronale Netze
- Hypothesentests und ANOVA
- Digitale Bildverarbeitung

Kurzbeschreibung

- Einführung am vereinfachten Beispiel, grafische Interpretation, allg. Problemstellung, Lösungsverfahren
- theoretische Grundlagen, Stoffflüsse, stöch. Matrix, Rang einer Matrix, Lösungsverfahren, Anwendungen
- lokale und globale Optima, grafische Veranschaulichung, Erläuterung des Algorithmus/des Verfahrens
- biologisches Vorbild, Übertragung auf Optimierungsprobleme, Kodierung der Population, Ablauf des Algorithmus, Selektionsmethoden uvm.
- theoretische Grundlagen zu Sequenzanalyse, Wahrscheinlichkeitsrechnung, Markov-Ketten, informatische Umsetzung, Anwendungen
- Parametergüte, Fisher-Informations-Matrix (FIM), Bedeutung und Anwendung, Beispielrechnungen und Interpretation
- Benutzung der FIM zur Bestimmung optimaler Messorte (ODE, optimal design of experiments)
- biologisches Vorbild, Abstraktion auf math. Problemstellungen, Netz-Aufbau, Training, Anwendungsbeispiele
- Angewandte Statistik zur Messdatenauswertung, t-Test, F-Test, ANOVA uvm.
- Einführung Bildverarbeitung allgemein, Filter, Konvolution, morphologische Operatoren, Kantendetektion, Objekterkennung, Anwendungsbeispiele

Bioinformatik II

(3 LP, Prof. Reinard, Themen nach Bedarf s.u., SoSe)

- Allgemeine Einführung
- Vorüberlegungen zum Sequenzalignment
- Paarweise Sequenzalignments
- Heuristische Verfahren
- Multiple Sequenzalignments
- Motive
- Genome
- Proteinstruktur
- Gene Ontology
- Bioinformatisch Workflows

Kurzbeschreibung

- Biologische und mathematische Voraussetzungen für bioinformatische Sequenzanalyse, kurzer Einblick in wichtige Datenbanken und deren Struktur
- Identität und Ähnlichkeit, Scoring, Matrices, Informationstheorie und Entropie, Substitutionsmatrix, empirische Matrices, PAM, BLOSUM
- Dot Plot Analyse, Identifikation von Repeats, Dynamic Programming, Needleman Wunsch und Smith Waterman Algorithmen, Varianten des DP
- Word-basierte Suchverfahren, FASTA, BLAST, Varianten von BLAST wie Megablast, BLASTx, igblast etc
- MSA Methoden Übersicht, en detail: progressive, hierarchische Verfahren am Beispiel von ClustalW mit UPGMA, T-Coffee-Verfahren
- Muster, Profile (kurz) und Positionsspezifische Scoring Matrices, Pseudocounts, PSI- und PHI-BLAST
- Strukturelle und funktionale Genomik, Assemblies und Contig, Bioinformatische Identifizierung von Genen, Extrinsische und intrinsische, Sensoren,
- Vergleichende Genomik, Syntenie, Anwendungen von Genomprojekten, Diploidgenomics
- Vorhersage von Sekundärstrukturen und deren Anwendung (z.B. bei MSA), Proteinstrukturdatenbanken, Vorhersage von Tertiärstrukturen,
- Homology Modelling, Threading, ab initio Verfahren am Beispiel von Rosetta und Robetta, Alignment von Proteinstrukturen
- GO Konzepte
- Übersicht der Vorgehensweise bei verschiedenen bioinformatischen Problemen

Programmieren von Algorithmen

(6 LP, Prof. Lindner, WS, Chemie-CIP-Pool in der Hauptmensa)

Zunächst wird kurz das Thema in Form einer VL vorgestellt.

Das Thema wechselt jedes Semester*.

Die Studenten sollen danach autark eine Literaturrecherche durchführen und sich intensiv mit dem Thema beschäftigen.

Resultate daraus werden gemeinsam diskutiert.

Jeder Student erhält eine (eigene, oder 2er/3er Gruppen) Aufgabe, die Programmierfähigkeit beinhaltet.

Begleitend finden in unregelmäßigen Abständen Besprechungen statt.

Am Ende des Semesters geben die Studenten ihr Programm und eine Hausarbeit ab.

* Beispiele aus den vergangenen Jahren:

- Anwendung der Hauptkomponentenanalyse auf Massenspektrometriedaten
- Programmierung und Vergleich verschiedener globaler Optimierungsalgorithmen

Grundmodul Bioinformatik (für MSc)

(6 LP, Prof. Lindner, Prof. Reinard, Prof. Küster, WS)

Teil I:

- Proteinstrukturen, Docking
- Phylogenetische Analysen

Teil II:

- Transkriptomanalysen auf Ebene von cDNA-Sequenzen: EST Sequenzierungen, EST-Clustering, in silico Transkriptomik
- Transkriptomanalysen mit Hilfe von Microarrays und Chips

Teil III

- Zelluläre Automaten
- nichtlineare Regressionsanalyse
- Fisher-Information bei dynamischen Modellen
- Modellierung und Dynamik biologischer Prozesse
- Optimierung
- Faktorenanalyse
- Hidden-Markov-Modelle
- Microarray-Auswertung

Modellierung von Bioprozessen (für MSc)

(6 LP, Prof. Bellgardt, WS, einige Wochen im WS)

Vorlesung:

- Reaktormodelle mit Stoffbilanzen für die Gas- und Flüssigphase eines Biorektors sowie Beschreibung des Massentransfers
- Einfache Wachstumskinetik und unstrukturierte Modelle für Wachstumsprozesse mit mehreren Substraten und Produktbildung
- Kinetik in Batch und Fedbatch-Kultivierung sowie stationäre Zustände in Chemostaten ohne und mit Sauerstofflimitierung
- Strukturierte Modelle mit Berücksichtigung der Stoffwechselregulation
- Segregierte Modelle und Populationsbilanzen für inhomogene Populationen von Mikroorganismen

Übung:

- Implementation von Bilanzmodellen im Computer
- Anwendung von Computer-Algebra-Systemen, Simulationssoftware und Tabellenkalkulation zur Berechnung der Modellgleichungen und graphischen Darstellung der Ergebnisse
- Verdeutlichung und Vertiefung des Inhalts der Vorlesung an prägnanten Beispielen

Praktikum:

- Selbständiges Bearbeiten von Aufgaben aus dem Themenbereich der Vorlesung unter Anwendung der in der Übung erlernten Methoden
- Selbständiges Erarbeiten von eng umgrenzten Themen, die über die Vorlesung hinausgehen
- Präsentation von theoretischen Grundlagen, Arbeitsmethoden und Ergebnissen

Modellierung von metabolischen und regulatorischen Netzwerken (für MSc)

(6 LP, Prof. Bellgardt, WS, einige Wochen im WS)

Vorlesung:

- Modelle zellulärer Reaktionen und mathematische Beschreibung von Stoffwechselnetzwerken, Energetik des Wachstums
- Überprüfung der Konsistenz von Messdaten mittels Elementbilanzen und statistischen Verfahren
- Anwendung von Modellen zur Ermittlung der Stoffflüsse von Substraten, Produkten und Zellbestandteilen aus experimentellen Daten
- Lösen von linearen, auch überbestimmten Gleichungssystemen
- Methoden und Algorithmen der Flussanalyse metabolischer Netzwerke
- Verbesserung der Flussanalyse durch Berücksichtigung der Kovarianz von Messfehlern
- Regulation von Stoffwechselwegen, Sensitivitätsanalyse und Kontrolltheorie metabolischer Netzwerke

Übung:

- Anwendung von Tabellenkalkulation zur Analyse von Messdaten und Berechnung messbarer Stoffflüsse, graphischen Darstellung der Ergebnisse
- Einsatz von Computer-Algebra-Systemen bei Aufgabenstellungen der linearen Algebra im Allgemeinen und der Stoffflussanalyse im Besonderen
- Implementation von Algorithmen zur Flussanalyse im Computer
- Verdeutlichung und Vertiefung des Inhalts der Vorlesung an prägnanten Beispielen

Praktikum:

- Selbständiges Bearbeiten von Aufgaben aus dem Themenbereich der Vorlesung unter Anwendung der in der Übung erlernten Methoden
- Selbständiges Erarbeiten von eng umgrenzten Themen, die über die Vorlesung hinausgehen
- Präsentation von theoretischen Grundlagen, Arbeitsmethoden und Ergebnissen
- Strukturierte Modelle mit Berücksichtigung der Stoffwechselregulation
- Segregierte Modelle und Populationsbilanzen für inhomogene Populationen von Mikroorganismen

Übung:

- Implementation von Bilanzmodellen im Computer
- Anwendung von Computer-Algebra-Systemen, Simulationssoftware und Tabellenkalkulation zur Berechnung der Modellgleichungen und graphischen Darstellung der Ergebnisse
- Verdeutlichung und Vertiefung des Inhalts der Vorlesung an prägnanten Beispielen

Praktikum:

- Selbständiges Bearbeiten von Aufgaben aus dem Themenbereich der Vorlesung unter Anwendung der in der Übung erlernten Methoden
- Selbständiges Erarbeiten von eng umgrenzten Themen, die über die Vorlesung hinausgehen
- Präsentation von theoretischen Grundlagen, Arbeitsmethoden und Ergebnissen