

Schwerpunkt Bioinformatik & künstliche Intelligenz

Schwerpunktkoordinator:in

Koordinator: Prof. Dr. Axel Mosig

Stellvertretender Koordinator: Jun.-Prof. Dr. Arne Sahm

Beteiligte Dozent:innen

Mosig, Sahm, Hofmann, Nowrousian, Krämer, Weiss, Bandow, Tischler, Baginsky, Eisenacher, Uszkoreit, Todt, Reiner

Profil/Beschreibung der Kompetenzen, die die Studierenden erlernen

Der Schwerpunkt kombiniert Wissen aus den Bereichen Biologie und Informatik, um komplexe biologische Daten zu analysieren und zu interpretieren.

Ein zentraler Bestandteil des Schwerpunkts sind Omics-Technologien, die verschiedene Disziplinen wie Genomics, Epigenomics, Transcriptomics, Proteomics und Metabolomics umfassen. Studierende lernen, wie sie große Mengen an Omics-Daten verarbeiten und analysieren können. Sie erwerben Kenntnisse in der Sequenzierung von Genomen, der Identifizierung und Quantifizierung von Transkripten und Proteinen sowie der Analyse von Stoffwechselwegen und epigenomischen Veränderungen. Diese Fähigkeiten sind entscheidend, um z.B. molekulare Mechanismen von Krankheiten bzw. die innerartliche Merkmalsvielfalt, die Regulierung von Signalwegen oder Evolutionsprozesse zu verstehen.

Ein weiterer wichtiger Aspekt ist die Anwendung von Künstlicher Intelligenz und maschinellem Lernen. Studierende lernen, wie sie Algorithmen anwenden und entwickeln können, um Muster in großen Datensätzen zu erkennen und Vorhersagen zu treffen. Studierende erwerben Kompetenzen in der Bildverarbeitung und -analyse, die es z.B. ermöglichen, mikroskopische und andere biomedizinische Bilddaten zu interpretieren. Beispielsweise können sie Algorithmen entwickeln, die Tumore in MRT-Bildern erkennen oder die Progression von neurodegenerativen Erkrankungen in Gehirnschans verfolgen. Die Studierenden haben zudem Möglichkeit, entsprechende Algorithmen in weiteren Kontexten, wie z.B. Einzelzell-Transkriptomik, Genomannotation, Proteinquantifizierung, Spektren, Infektionsforschung und heterogene klinische Daten anzuwenden.

Neben der Analyse von Omics-Daten und von Bilddaten spielt die Bioinformatik auch in der Strukturbiologie eine wichtige Rolle. Hier werden mit Hilfe von Rechenmodellen Strukturen von Molekülen, insbesondere von Proteinen und RNAs, sowie deren Dynamiken vorhergesagt. Neben den klassischen Rechenmodellen auf der Grundlage von physikalischen Simulationen spielen hier auch Modelle eine Rolle, die mit Methoden des maschinellen Lernens etabliert wurden. Die Studierenden lernen die theoretischen Grundlagen der jeweiligen Modelle und erwerben die Kompetenzen, diese Modelle zur Beantwortung praktischer ebenso wie grundlagenwissenschaftlicher Fragestellungen anzuwenden.

Darüber hinaus erwerben Studierende Fähigkeiten in der Programmierung und Datenanalyse, z.B. Kenntnisse in Programmiersprachen wie Python und R sowie in der Visualisierung hochdimensionaler biologischer Daten.

Mögliche berufliche Einsatzbereiche

Bioinformatiker arbeiten häufig im Bereich der Pharmazie, der Medizin, der Biotechnologie, der Chemie oder im Agrarsektor, z.B. in Forschungs- und Entwicklungsabteilungen von Unternehmen.

Im Bereich der Software- oder Datenbankentwicklung bekleiden sie oft leitende Positionen oder arbeiten freiberuflich. Einige Bioinformatiker gründen eigene Start-Ups. Im öffentlichen Bereich sind sie z.B. für Behörden und in der Forschung tätig. Viele Bioinformatiker finden auch als Data Scientist Beschäftigung, wo sie ihre analytischen Fähigkeiten zur Auswertung großer Datenmengen einsetzen.

A- und S-Module können aus folgenden Lehr- und Forschungsbereichen gewählt werden

Für die Anerkennung des Schwerpunkts müssen das A-Modul „Bioinformatik“ oder das A-Modul „Künstliche Intelligenz in der Biologie“ erfolgreich absolviert worden sein. Auch eine Teilnahme im Bachelorstudium wird dabei anerkannt. Auf Antrag können ggf. auch andere Veranstaltungen anerkannt werden, wenn die Lehrinhalte der oben genannten A-Module vollständig abgedeckt werden.

Für die Anerkennung des Schwerpunkts muss außerdem mindestens ein S-Modul im Wert von 15 CP erfolgreich absolviert worden sein, in dem überwiegend mit bioinformatischen Methoden gearbeitet wurde. Für folgende S-Module gilt das Kriterium automatisch als erfüllt: Ausgewählte Themen der Bioinformatik, Sequenzdaten-Bioinformatik, Transkriptomik und transkriptionelle Netzwerke, vergleichende Genomanalyse, Populationsgenomik, Bioinformatik des Alterns und assoziierter Krankheiten, Angewandte Bioinformatik / Molekulargenetik von Pilzen, Praktische Bioinformatik der Proteomik, Strukturelle Bioinformatik. Andere S-Module, die das genannte Kriterium erfüllen, werden auf Antrag anerkannt.

Folgende Wahlpflichtfächer und zugehörige Vertiefungsmodule interdisziplinärer Inhalte können gewählt werden

Informatik, Künstliche Intelligenz und Maschinelles Lernen,
Mathematik, Medizinische und Funktionelle Proteomik, Neuroinformatik, Physiologische Chemie / Bioinformatik, Bioinformatik der Proteomik I + II

Andere Wahlpflichtfächer und zugehörige Vertiefungsmodule können ggf. auf Antrag mit entsprechender Begründung genehmigt werden.

Seminare zum Schwerpunkt Bioinformatik und künstliche Intelligenz

Es müssen mindestens 18 Termine aus beliebigen Schwerpunktreihen des Seminars „Current Topics in Biology an Biotechnology“ besucht werden [gilt nur für Studierende mit Studienbeginn ab SoSe 2026]. **Für alle gilt: Die erfolgreiche Teilnahme an der Klausur zum Schwerpunkt Bioinformatik und künstliche Intelligenz ist obligatorisch für den Studienschwerpunkt Bioinformatik.**

Immer im Wintersemester; Termine und Räume werden über den Moodle-Kurs „Current Topics in Biology an Biotechnology“ bekanntgegeben.

Vertiefung biologischer Inhalte I (60-minütige Prüfung)

Für diese Prüfung ist das Kernfach Bioinformatik obligatorisch.

Vertiefung biologischer Inhalte II (30-minütige Prüfung)

Alle Prüfungsfächer sind zugelassen.

Empfehlungen für den Bereich BioPlus

Grundlagen der Bioinformatik, Seminar Bioinformatik, Bioinformatics for Molecular and Cellular Structures, Methods and Applications in Structural Bioinformatics, Bioinformatics for Proteomics, Statistische Methoden für Biologen und andere Naturwissenschaftler, Angewandte Statistische Methoden für Biologen mit R, Fungal Genetics and Genomics

Empfehlung von Lehrbereichen für das TPA-Modul und die Masterarbeit

Für die Anerkennung des Schwerpunkts ist entscheidend, dass in der Masterarbeit überwiegend mit bioinformatischen Methoden gearbeitet wurde, i.d.R. durch Erst- oder Zweitbetreuung eines am Schwerpunkt beteiligten Dozenten. Alle am Schwerpunkt beteiligten Lehrbereiche (s.o.) bieten entsprechende Masterarbeiten sowie ggf. Co-Betreuungen mit anderen Lehrbereichen an. Auch (halb-) externe Masterarbeiten können auf Antrag genehmigt werden, insofern sie das genannte Kriterium erfüllen.

Beispielthemen für eine Masterarbeit:

Mosig – Analyse von histopathologischen und radiologischen Bilddaten

Sahm – Analyse von next- und third-generation sequencing Daten

Hoffmann –

Nowrousian – Analyse von Pilzgenomen / omics-Daten von Pilzen

Krämer – Analyse von Einzelzelltranskriptomdaten, Untersuchung transkriptioneller Netzwerke, vergleichende Genomanalyse, Populationsgenomik, Quantitative Genetik

Weiss –

Bandow –

Tischer –

Eisenacher –

Baginsky –

Todt –

Uszkoreit – Integration von Transkriptom- und Proteom-Daten

Reiner –