

Modulhandbuch

Genomische Biotechnologie (M.Sc.)

Inhaltsverzeichnis

<i>MNR</i>	<i>MC</i>	<i>Modulbezeichnung</i>	<i>Seite</i>
4702	03-BIPRO	<u>Biodaten-Prozessierung</u>	4
4703	04-LWPM	<u>Transfer- und Gründungsstrategien</u>	5
4717	03-GERE	<u>Gentechnik und -recht</u>	6
4719	03-MOBIO	<u>Molekularbiologie</u>	7
4723	03-GB1	<u>Genomische Biotechnologie I</u>	8
4741	03-BSC22	<u>Biodata Sciences</u>	9
4740	23-SGGB	<u>Studium Generale (2 aus 3)</u>	11
4724	03-NBIOT	<u>Nanobiotechnologie</u>	12
4732	03-SYBI	<u>Synthetische Biologie</u>	13
4734	03-GB2	<u>Genomische Biotechnologie II</u>	14
4735	03-KATA	<u>Katalyse</u>	15
4739	03-UMG22	<u>Umweltmetagenomik</u>	17
4745	03-BIODA	<u>Biodatenvisualisierung</u>	19
4742	03-MALE	<u>Maschinelles Lernen</u>	20
4743	02-MZBP-21	<u>Molekulare und zelluläre Biophysik</u>	21
4744	03-UCH22	<u>Umweltchemie</u>	23
4729	03-FORS	<u>Forschungsmodul (24 Wochen)</u>	24
4730	03-MPGB	<u>Masterprojekt</u>	25

Hinweis zur Bestellung der Prüfer:

Die in dem Modulhandbuch genannten Verantwortlichen werden für die jeweilige Modulprüfung zum Prüfer bestellt.

Formen für Prüfungsvorleistungen und Prüfungsleistungen:

PVL-Formen: Te = Testat, s = schriftlich, m = mündlich, LT = Labortestat, P = Poster, R = Referat, Prüfungsformen: M = Modulprüfung, Pl = Prüfungsleistung, s = schriftlich, m = mündlich, a = alternativ, sn = sonstige, A = alternativ, B = Beleg, K = Kolloquium, LA = Laborarbeit, MA = Masterarbeit, V = Vortrag

Sonstige Abkürzungen:

V = Vorlesung (SWS), S = Seminar/Übung (SWS), P = Praktikum (SWS), T = Tutorium (SWS), PVL = Prüfungsvorleistung, PL = Prüfungsleistung, CP = Credit Points, SWS = Semesterwochenstunden, MNR = Modulnummer, MC = Modulcode

4702 Biodaten-Prozessierung

Modulname:	Biodaten-Prozessierung	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4702	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-BIPRO	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	1					
Ausbildungsziele:	Das Modul vermittelt fortgeschrittene Kompetenzen in der Prozessierung, Analyse und Darstellung biologischer Daten. Es befähigt die Studierenden, große und komplexe Datensätze aus dem Bereich der Genomik und Proteomik effizient zu verarbeiten und bioinformatische Werkzeuge zur Lösung biologischer Fragestellungen einzusetzen.							
Lehrinhalte:	• Einführung in biologische Datenformate: FASTA, FASTQ, FAST5, VCF, BAM/SAM, GFF/GTF • Unterschiede zwischen Sequenz-, Variations- und Annotationsdaten • Datei- und Datenprozessierung mit Bash und AWK • Lokale Anwendung von BLAST • Mapping und Alignment von Sequenzen (minimap) • Variantenanalyse und -annotation • Einführung in R für Biodaten-Analyse • Erstellung von publikationsreifen Diagrammen (ggplot2 oder Matplotlib) • Arbeiten mit Jupyter Notebooks • Ethik und Datenmanagement: FAIR-Prinzipien (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) • Datenschutz in der Bioinformatik							
Lernmethoden:	• Arbeiten in RStudio, JupyterHub und dem Linux Terminal • Tafelanschrieb, Beamerpräsentation, Übungsaufgaben							
Literatur:	• Wünschiers (2013) Computational Biology. doi.org/10.1007/978-3-642-34749-8 • Wünschiers (2016) Wiley-Schnellkurs Bioinformatik für Anwender. ISBN 978-3527530403 • Wickham, Çetinkaya-Rundel, Golemund (2024) R für Data Science. ISBN 978-3960092346							
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	<u>03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften</u>							
Dozententeam (Rollen):	<u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbbe Wünschiers</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) <u>M.Sc. Nils Schön</u> (Dozent, Prüfer)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	<u>Biodaten-Prozessierung</u>	1	0	3	0	LT	Mm/20	5

4703 Transfer- und Gründungsstrategien

Modulname:	Transfer- und Gründungsstrategien	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4703	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	04-LWPM	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	1					
Ausbildungsziele:	Ziel der Veranstaltung ist die Begleitung eines Produktes von der Idee bis zum Verkauf. Es werden wesentliche Methoden der Projektierung, aber auch der Arbeit in internationalen virtuellen Teams, Mitarbeitermotivation, Besonderheiten der Patentierung in den Life Sciences und Verwaltung und Nutzung des generierten Wissens, u.a. für die Qualitätssicherung, behandelt.							
Lehrinhalte:	Die Vorlesung behandelt folgende Themenbereiche · Von der wissenschaftlichen Idee zum wissensbasierten Produkt · Grundlagen der Unternehmensgründung im digitalen Zeitalter · Grundlagen des Technologietransfers aus der Wissenschaft · Grundlagen des digitalen Marketings für wissensbasierte Innovationen · Einführung von betriebswirtschaftlichen Kenntnissen Im Seminar wird das in der Vorlesung erworbene Wissen durch Übungsaufgaben und Kurzvorträge der Teilnehmerteams am Beispiel der Erstellung eines Geschäftsmodells und einer digitalen Marketingkampagne vertieft.							
Lernmethoden:	Beamerpräsentation, Übungsaufgaben, Teamarbeit, Geschäftsmodellentwicklung, Elevator-Pitches, digitale Marketing-Kampagnen.							
Literatur:	Kollmann, T. (2016). E-Entrepreneurship: Grundlagen der Unternehmensgründung in der digitalen Wirtschaft. Springer Fachmedien. DOI 10.1007/978-3-658-13076-3 · Schramm, D. M. und Carstens, J. (2014). Startup-Crowdfunding und Crowdinvesting: Ein Guide für Gründer. Springer Fachmedien. DOI 10.1007/978-3-658-05926-2 · Müller, K.-D. (2013). Erfolgreich denken und arbeiten in Netzwerken. Springer Fachmedien. DOI 10.1007/978-3-658-02108-5 · Kaiser, R., Püschel, G., Götz, S., Kahle, K und Aßmann, U. (2015). Von der Software-Dissertation zum Lean Startup. In: Lecture Notes in Informatics - Software Engineering and Management, 2015, P-239, S. 470-483. Gesellschaft für Informatik, Bonn. ISBN 978-3-88579-633-6. https://subs.emis.de/LNI/Proceedings/Proceedings239/470.pdf							
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	04 Fakultät Wirtschaftsingenieurwesen							
Dozententeam (Rollen):	Dr. rer. pol. Dirk Liebers (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) M.Sc. Tomás Adolfo Cabrera Lancheros (Inhaltverantwortlicher) Prof. Dr. rer. med. Hendrik Liebers (Dozent, Prüfer)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Transfer- und Gründungsstrategien	2	2	0	0	R/20	Msn/B	5

4717 Gentechnik und -recht

Modulname:	Gentechnik und -recht	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4717	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-GERE	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	1					
Ausbildungsziele:	Ziel der Vorlesung ist die Vorstellung des internationalen rechtlichen Rahmens, dem gentechnische Experimente und Produktionen unterlie-gen. Zudem werden Fallbeispiele eingeführt. Im Seminar sollen die Studenten in Teams ausgewählte Aspekte der Fallbeispiele vertiefen und, angereichert mit dem methodischen Wissen aus der Molekularbiologie, darstellen.							
Lehrinhalte:	Vorlesung • Gentechnikgesetz in Deutschland • Gentechnikgesetze international • Gentechnik und Patentierung • Ausgewählte Zulassungsverfahren • Geschichte der Gentechnik • Anwendungen in der Züchtung • Betrachtung ausgewählter Produkte, insbesondere der Amflora-Kartoffel Praktikum • Gibson Assembly • CRISPR/Cas Geneditierung							
Lernmethoden:	Tafelanschrieb, Beamerpräsentation, Gruppenarbeit, Vorträge, Laborarbeit							
Literatur:	• Gentechnikgesetz • Wünschiers (2022) Allgemeinbildung Gene, Genetik und Gentechnik für Dummies. ISBN 978-3527717460 • aktuelle Literatur zu Fallbeispielen							
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):	Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) M.Sc. René Kretschmer (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbbe Wünschiers (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Gentechnik und -recht							5
	Gentechnik und -recht	2	0	0	0		PI4s/90	
	Gentechnik	0	0	2	0	LT/3	PI4a	

4719 Molekularbiologie

Modulname:	Molekularbiologie	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4719	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-MOBIO	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	1					
Ausbildungsziele:	In der Vorlesung werden fundierte Kenntnisse im Bereich der Molekularbiologie vermittelt. Dabei wird an die im Bachelor-Studium vermittelten Grundkenntnisse zur Transkription und Translation angeknüpft und diese im Rahmen der Vorlesung vertieft und erweitert. Im Praktikum werden in eigenen Experimenten Daten gesammelt, die sowohl unter den Gesichtspunkten des Labor- und Wissensmanagements protokolliert als auch in anderen Lehreinheiten analysiert werden sollen.							
Lehrinhalte:	Die Vorlesung behandelt folgende Themenbereiche: Regulation der Genexpression bei Prokaryoten: • negative und positive Kontrolle der Transkription • DNA-bindende Proteine • Regulation auf verschiedenen Ebenen • Lactose-Operon und Lactose-Mutanten bei E. coli, Blau-Weiß-Selektion • Trp-Operon bei E. coli und B. subtilis (Attenuation) • Riboswitches • sRNAs • CRISPR/Cas (Ursprung und Anwendung) Regulation der Genexpression bei Eukaryoten: • non-coding RNAs • RNA-Interferenz, siRNAs, miRNAs • Epigenetik (Genom-Organisation, DNA-Methylierung, Histon-Code, Zellkernarchitektur, X-Chromosom-Inaktivierung, genomische Prägung) Zellzyklus und Krebs: • Cycline und Cyclin-abhängige Kinasen • Kontrollpunkte • Hallmarks of cancer • Viren und Krebs • Protoonkogene/Onkogene (myc, ras) • Tumorsuppressorgene (p53) • Mehrstufenmodell der Krebsentstehung Im Praktikum werden folgende Versuche durchgeführt: • GFP-Transformation • qPCR							
Lernmethoden:	Tafelanschrieb, Folien, Beamerpräsentation; praktische Laborübungen, Kurzvorträge der Studierenden							
Literatur:	• Carlberg, Molnár (2020) Mechanisms of Gene Regulation. doi.org/10.1007/978-3-030-52321-3 • Gibson, Muse (2009) A Primer of Genome Science. ISBN 978-0878932368 • Brown (2023) Genomes. ISBN 978-0367674076 • Nordheim, Knippers, Dröge (2018) Molekulare Genetik. ISBN 978-3132426375 • Alberts et al. (2024) Molekularbiologie der Zelle. ISBN 978-3527353644 • Kegel (2015) Epigenetik - Wie Erfahrungen vererbt werden. ISBN 978-3832163181							
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):	Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Planer, Prüfer) Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbbe Wünschiers (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Molekularbiologie	2	0	2	0			5
	Teilprüfung 1						PI4s/90	
	Teilprüfung 2					LT/3	PI4sn/LA	

4723 Genomische Biotechnologie I

Modulname:	Genomische Biotechnologie I	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4723	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-GB1	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	1					
Ausbildungsziele:	Das Modul behandelt molekulargenetische Methoden und ihre Anwendung. Im Seminar präsentieren die Studierenden ihr Bachelorprojekte mit einem Fokus auf den angewandten Methoden. Die Studierenden sollen im Rahmen dieses zentralen Moduls des Masterstudiengangs Lehrinhalte andere Module im genomischen Kontext reflektieren. Zudem sollen sich die Studierenden gegenseitig im Sinne eines "Wen-kann-ich-fragen" Szenario kennenlernen							
Lehrinhalte:	• Bioinformatische Sequenzanalysen • Sequenzsuche in Datenbanken • Werkzeuge und Datenbanken für die Analyse von Sequenzen • DNA-Barcoding • Genfunktionsaufklärung in Zeiten der Genomik • Reverse Genetics • Transposon-basierte Mutagenese • C-Wert Paradoxon und Implikationen • Methoden der Geneditierung							
Lernmethoden:	Vorlesung und Seminar							
Literatur:	• Labudde, Mohaupt (2018) Bioinformatik im Handlungsfeld der Forensik. doi.org/10.1007/978-3-662-57872-8 • Zvelebil, Baum (2007) Understanding Bioinformatics. New York: Garland Science, 1. Aufl. • Wünschiers (2019) Generation Gen-Schere. doi.org/10.1007/978-3-662-59048-5 • aktuelle Fachpublikationen (auch in englischer Sprache)							
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):	<u>Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik</u> (Planer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbbe Wünschiers</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) <u>M.Sc. Marleen Mohaupt</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Planer, Prüfer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Henrik Buschmann</u> (Dozent, Prüfer)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	<u>Genomische Biotechnologie I</u>	2	2	0	0	R/20	Ms/90	5

4741 Biodata Sciences

<i>Modulname:</i>	Biodata Sciences	<i>Unterrichtssprache:</i>	deutsch
<i>Modulnummer:</i>	4741	<i>Abschluss:</i>	M.Sc.
<i>Modulcode:</i>	03-BSC22	<i>Häufigkeit:</i>	jahresweise
<i>Pflicht/Wahl:</i>	Wahlpflicht	<i>Dauer:</i>	1
<i>Studiengang:</i>	Genomische Biotechnologie	<i>Regelsemester:</i>	1
<i>Ausbildungsziele:</i>	Fachkompetenz: - Die Studierenden verstehen die grundlegenden Prinzipien moderner Datenanalyse und -verarbeitungstechniken, die in der Bioinformatik und Genomforschung Anwendung finden. - Sie lernen, wie biologische Daten klassifiziert werden können. - Sie erwerben ein Verständnis für die wichtigsten Konzepte, wie Datenreduktion, Datenklassifikation und Prototypenbildung. Methodenkompetenz: - Die Studierenden können grundlegende Algorithmen wie k-Means, Hauptkomponentenanalyse (PCA) oder t-SNE zur Analyse von großen biologischen Datensätzen anwenden. - Sie sind in der Lage, einfache Modelle zur Klassifikation (z. B. Learning Vector Quantization) und Regression (z. B. Multiple lineare Regression) zu verstehen und zu nutzen. - Sie entwickeln ein Gefühl für die Grenzen und Stärken stochastischer und deterministischer Algorithmen. Transferkompetenz: - Die Studierenden sind in der Lage, statistische und maschinelle Lernmethoden in reale bioinformatische Fragestellungen zu übertragen, z. B. für die Analyse von Omics-Daten (Genomik, Proteomik). - Sie können datengetriebene Ansätze kritisch bewerten und die Ergebnisse biotechnologisch interpretieren.		
<i>Lehrinhalte:</i>	- Shannon-Entropie: Prinzip der Informationsbewertung und Anwendung in der Datenanalyse. - Datendichten: Grundkonzepte zur Beschreibung und Interpretation von Datenverteilungen. - Hauptkomponentenanalyse (PCA): Ziel, Berechnung und Interpretation. - t-SNE (t-distributed Stochastic Neighbor Embedding): Visualisierung hochdimensionaler Daten; Unterschiede zu PCA und Anwendungsbereiche. - Algorithmen zur stochastischen und deterministischen Partitionierung - Klassifikation und Prototypenbildung: - Learning Vector Quantization (LVQ): Prinzipien der datengetriebenen Klassifikation. - Generalized Matrix Learning Vector Quantization (GMLVQ): Erweiterungen und Optimierungen. - Bestimmung von Prototypen: Nutzung repräsentativer Datenpunkte in großen Datensätzen. - Clusteranalyse: Grundlagen, Algorithmen und Limitierungen. - Multiple lineare Regression: Modellierung und Vorhersage. - Gauss-Algorithmus: Mathematische Grundlagen und Anwendung zur Lösung von linearen Gleichungssystemen.		
<i>Lernmethoden:</i>	Vorlesung: - Prinzipienorientiertes Lernen: Fokus auf das Verständnis der mathematischen Grundlagen und Algorithmen (nicht auf tiefe mathematische Herleitungen). - Beispiele und Visualisierungen: Anschauliche Beispiele aus der Genomforschung und Biotechnologie. Seminar: - Projektbasiertes Lernen: Analyse realer biologischer Datensätze in kleinen Teams. - Präsentation: Diskussion der Ergebnisse in Form von Kurzvorträgen oder Postern. - Lektüre von wissenschaftlichen Artikeln zu Anwendungen der Algorithmen in der Bioinformatik.		
<i>Literatur:</i>	- Wickham (2017) R für Data Science. ISBN 978-3960090502 - aktuelle wissenschaftliche Literatur		
<i>Arbeitslast:</i>	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung		
<i>Anbieter:</i>	<u>03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften</u>		

<i>Dozententeam (Rollen):</i>	<u>Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik</u> (Planer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Thomas Villmann</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer, Aufsicht)							
<i>Lerneinheitsformen und Prüfungen:</i>	<i>Modulstruktur</i>	<i>V</i>	<i>S</i>	<i>P</i>	<i>T</i>	<i>PVL</i>	<i>PL</i>	<i>CP</i>
	<u>Biodata Sciences</u>	2	2	0	0		Mm/30	5

4740 Studium Generale (2 aus 3)

Modulname:	Studium Generale (2 aus 3)	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4740	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	23-SGGB	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Wahlpflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:						
Ausbildungsziele:	Für die Angebote des IKKS gilt: Von den Studierenden wird erwartet, dass sie generell am interdisziplinären Denken interessiert sind, aktiv am Unterrichtsgeschehen teilnehmen und die Bereitschaft zur reflektierenden Analyse der Inhalte mitbringen. Ebenso sind die Vorgaben des wissenschaftlichen Arbeitens und Schreibens einzuhalten bzw. bieten die Angebote die Möglichkeit diese praktisch anzuwenden. Das Angebot des Hochshculsports erfordert die Bereitschaft sich physisch und psychisch zu belasten - ungeeignet für Studenten mit Vollattest.							
Lehrinhalte:	Bei der Ringvorlesung des IKKS im Sommer handelt es sich um eine Vorlesungsreihe, bei der sich Dozent:innen aus unterschiedlichen Wissenschaftsdisziplinen in einer Abendvorlesung zu einem bestimmten Thema äußern: https://www.hs-mittweida.de/ringvorlesung Beim Dialog Kontrovers des IKKS im Sommer handelt es sich um ein Diskussionsformat, bei dem mehrere Gastredner:innen aus Wissenschaft, Politik und Gesellschaft in einer Abendveranstaltung zu einem bestimmten Thema rund um das aktuelle gesellschaftspolitische Geschehen in Dialog treten: https://www.hs-mittweida.de/dialog-kontrovers In the course "the self an the other" we will analyze different concepts like class, gender, ethnicity, religion, sexual orientation, dis/ability and the role these categories play in constructing social worlds and cultures. This course will be held as a lecture course or (more likely) a seminar. Methods will include teacher instruction, group work, and individual study: https://www.institute.hs-mittweida.de/webs/ikks/studium-generale/kursangebot/the-self-and-the-other-cultural-and-social-theories-of-diversity-and-othering-engl.html Der Kurs "Gesundheitskompetenz und Bewegung" des Hochschulsports dient der Vermittlung von theoretischen Grundlagen des körperlichen Trainings unter sportmedizinischem, trainingsmethodischem und psychologischem Aspekt sowie der praktischen Anwendung in ausgewählten Übungen und Sportarten: https://www.sport.hs-mittweida.de							
Lernmethoden:								
Literatur:	Zu allen Veranstaltungen werden von den jeweiligen Dozent:innen eigenständige Unterlagen (Selbstlernmaterial, Literatur, etc.) zur Verfügung gestellt.							
Arbeitslast:	90 Stunden Lehrveranstaltungen 60 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	23 Institut für Kompetenz, Kommunikation und Sprachen (IKKS)							
Dozententeam (Rollen):	Dipl.Psychologin Babett Nimschowski (Dozent)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Studium Generale (2 aus 3)							5
	Dialog Kontrovers/ Interdisziplinäre Ringvorlesung	2	0	0	0		Plsn/B	
	The Self and the Other (eng.)	2	0	0	0		Pls/90	
	Gesundheitskompetenz und Bewegung	0	2	0	0		Pls/90	

4724 Nanobiotechnologie

Modulname:	Nanobiotechnologie	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4724	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-NBIOT	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	2					
Ausbildungsziele:	Ziel dieses Moduls ist der Erwerb von Kenntnissen über moderne Methoden aus dem Bereich der Nanotechnologie. Neben den Methoden werden aktuelle Beispiele diskutiert und eine Interpretation der Resultate in Bezug auf Grenzen und Nachteile vorgenommen.							
Lehrinhalte:	Einführung Aufbau von Nanopartikeln Sichtbarmachung im Nanobereich: Elektronenmikroskopie, Superresolution, Rasterkraftmikroskopie Werkstoffe im Nanomaßstab Nanomaschinen aus DNA Nanostrukturen aus Protein Viren als tool-box Biomolekulare Motoren Biomimetik im Nanobereich Medizinische Nanotechnologie Nanopartikel für die Markierung und in der Krebstherapie Nanotechnologie der Umwelt Zusammenbau von Nanokristallen durch Mikroorganismen Nanobiosensoren Biofunktionalisierung von Oberflächen							
Lernmethoden:	Tafelanschrieb, Beamerpräsentation, Übungsaufgaben, Rechnerarbeit (Programmierung), Kurzvorträge							
Literatur:								
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):	Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik (Planer) Prof. Dr. rer. nat. habil. Henrik Buschmann (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer, Aufsicht)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Nanobiotechnologie	2	2	0	0	R/30	Mm/30	5

4732 Synthetische Biologie

Modulname:	Synthetische Biologie	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4732	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-SYBI	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	2					
Ausbildungsziele:	Ziel ist die Anwendung der im ersten Studienjahr gewonnen Grundlagen auf allen Gebieten, um den systemischen Charakter von lebendigen Systemen zu erfassen und und deren Entwurf zu verstehen. Die Bedeutung der Modellierung grundlegender Regelmechanismen wird dann auf den Methodenraum der synthetischen Biologie projiziert.							
Lehrinhalte:	Die Vorlesung behandelt folgende Themenbereiche: • Flux Balance Analysen • Software zur Modellierung • Analyse und Integration von Hochdurchsatzdaten • Molekularbiologische Methoden in der synthetischen Biologie Im Seminar wird das in der Vorlesung erworbene Wissen durch Kurzvorträge der Teilnehmer vertieft.							
Lernmethoden:	Tafelanschrieb, Folien, Beamerpräsentation, Übungsaufgaben							
Literatur:	• Klipp, Liebermeister, Wierling, Kowald (2016) Systems Biology: A Textbook. ISBN 978-3527336364 • Voit (2017) A First Course in Systems Biology. ISBN 978-0815345688							
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):	Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik (Planer) Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbbe Wünschiers (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Synthetische Biologie	2	2	0	0			5
	Teilprüfung 1						PI4m/20	
	Teilprüfung 2						PI4sn/V20	

4734 Genomische Biotechnologie II

Modulname:	Genomische Biotechnologie II	Unterrichtssprache:	deutsch						
Modulnummer:	4734	Abschluss:	M.Sc.						
Modulcode:	03-GB2	Häufigkeit:	jahresweise						
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1						
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	2						
Ausbildungsziele:	In der Vorlesung werden bereits erworbene Kenntnisse aus den Bereichen Molekularbiologie und Gentechnik verknüpft und erweitert. Dies soll zu einem tieferen Verständnis für das Zusammenwirken von komplexen Vorgängen im menschlichen Körper führen. Dabei werden insbesondere spezifische Proteinmodifikationen bei Therapeutika und die Auswirkung bestimmter Polymorphismen auf die Therapie thematisiert. Zudem wird die genomische Analytik und Wirkung von Genommutationen vertieft.								
Lehrinhalte:	Vorlesung • Proteinmodifikationen (Acylierung, Prenylierung, Amidierung, Glykosylierung u.a.) • Überblick über Stoffwechselvorgänge die auf Proteintherapeutika einwirken (Kinetik, Dynamik) • Einfluss genetischer Polymorphismen • Genomsequenzierung und -assembly • Genomische Mutationen Seminar Im Seminar wird das in der Vorlesung erworbene Wissen durch Kurzvorträge der Teilnehmer vertieft.								
Lernmethoden:	Tafelanschrieb, Beamerpräsentation, Kurzvorträge								
Literatur:	• Müller-Esterl (2018) Biochemie. doi.org/10.1007/978-3-662-54851-6 • Dingermann, Winckler, Zündorf (2019) Gentechnik Biotechnik. ISBN 978-3-8047-3708-2 • Freissmuth, Offermanns, Böhm (2024) Pharmakologie und Toxikologie. doi.org/10.1007/978-3-662-68470-2 • Ganten, Ruckpaul (2008) Grundlagen der Molekularen Medizin. doi.org/10.1007/978-3-540-69414-4 • Wünschiers (2019) Generation Gen-Schere. doi.org/10.1007/978-3-662-59048-5 • aktuelle Fachpublikationen (auch in englischer Sprache)								
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung								
Anbieter:	<u>03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften</u>								
Dozententeam (Rollen):	<u>Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik</u> (Planer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbe Wünschiers</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) <u>M.Sc. Marleen Mohaupt</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Planer, Prüfer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Henrik Buschmann</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)								
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP	
	<u>Genomische Biotechnologie II</u>	2	2	0	0	R/20	Ms/90	5	

4735 Katalyse

<i>Modulname:</i>	Katalyse	<i>Unterrichtssprache:</i>	deutsch
<i>Modulnummer:</i>	4735	<i>Abschluss:</i>	M.Sc.
<i>Modulcode:</i>	03-KATA	<i>Häufigkeit:</i>	jahresweise
<i>Pflicht/Wahl:</i>	Pflicht	<i>Dauer:</i>	1
<i>Studiengang:</i>	Genomische Biotechnologie	<i>Regelsemester:</i>	2
<i>Ausbildungsziele:</i>	Das Ziel des Moduls "Katalyse" ist es, den Studierenden umfassende Kenntnisse über chemische Kinetik zu vermitteln, sie in die Lage zu versetzen, kinetische Daten zu analysieren und die Effizienz von Katalysatoren zu bewerten. Grundlegendes Ziel der Veranstaltungen ist die Vermittlung von Denkweisen in der Katalyse. Sie sollen diese Kenntnisse speziell auf die Biokatalyse anwenden, theoretische Grundlagen zur Präparation von Katalysatoren erlernen und diese Methoden auf Biokatalysatoren übertragen. Darüber hinaus wird erwartet, dass sie sich mit innovativen und neuartigen Konzepten in der Biokatalyse, wie Artizyme und Abzyme, auseinandersetzen und deren Potenziale verstehen.		
<i>Lehrinhalte:</i>	Die Vorlesung behandelt folgende Themenbereiche: 1 Einführung in die historische und gesellschaftliche Bedeutung der Katalyse 2 Green Chemistry 3 Kinetik Teil 1 3.1 Reaktionsordnungen 3.2 Aktivierungsenergie 4 Kinetik Teil 2 - Reaktionsmechanismen 4.1 Heterogene Katalyse 4.2 Michaelis-Menten-Mechanismus 4.3 Komplexere biochem. Mechanismen (Ternäre komplexe Reaktionen, Ping-Pong-Mechanismus) 4.4 Enzymhemmungen 5 Katalysatoren und ihre Präparation 5.1 Feststoffkatalysatoren aus der Heterogenen Katalyse 5.2 Präparationstechniken von Feststoffkatalysatoren 5.3 Biokatalysatoren 5.4 Immobilisierung 5.5 Neue Biokatalysatoren (Artizyme, nicht-enzymatische Biokatalysatoren) 6 Katalysatorcharakterisierung und Produktanalytik 6.1 Morphologieuntersuchung 6.2 IR-Spektroskopie		
<i>Lernmethoden:</i>	Das Modul wird vorrangig über online-Live-Veranstaltungen in Form von Vorlesungen und Webinaren gehalten (Präsentationsfolien, Whiteboard mit Aufzeichnung). Zur Auswertung von kinetischen Daten wird "Excel" verwendet. In einer Vortragsreihe (in Präsenz) präsentieren die Studierenden Forschungsthemen im Bereich der Biokatalyse, um Innovationen und neue Forschungsrichtungen gemeinsam zu erörtern und diskutieren.		
<i>Literatur:</i>	Gadi Rothenberg: Catalysis Concepts and Green Applications, Wiley VCH Ulf Hanefeld, Leon Lefferts: Catalysis An Integrated Textbook for Students, Wiley VCH Bugg: Introduction to Enzyme and Coenzyme Chemistry Wiley Klaus Buchholz, Volker Kasche, Uwe T. Bornscheuer: Biocatalysts and Enzyme Technology, Wiley Blackwell Atkins: Physikalische Chemie von Peter W. Atkins, Julio de Paula, Michael Bär Technische Chemie von Manfred Baerns, Arno Behr, Axel Brehm, Jürgen Gmehling, Hanns Hofmann, Ulfert Onken, Albert Renken Catalysis: From Principles to Applications von Matthias Beller, Albert Renken, Rutger A. van Santen Principles and Practice of Heterogeneous Catalysis von John M. Thomas, W. J. Thomas		
<i>Fachkompetenz:</i>	Durch das Modul "Katalyse" erwerben die Studierenden fundiertes Wissen über katalytische Konzepte und Methoden, lernen kinetische Daten effektiv auszuwerten und die Leistungsfähigkeit von Katalysatoren zu beurteilen. Sie setzen sich intensiv mit dem aktuellen Stand der Forschung in der Biokatalyse auseinander, um bestehende Verfahren zu verstehen und zukünftige Entwicklungen antizipieren zu können.		

<i>Arbeitslast:</i>	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
<i>Anbieter:</i>	<u>03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften</u>							
<i>Dozententeam (Rollen):</i>	<u>Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik</u> (Planer) <u>Prof. Dr. rer. nat. Iris Herrmann-Geppert</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)							
<i>Lerneinheitsformen und Prüfungen:</i>	<i>Modulstruktur</i>	<i>V</i>	<i>S</i>	<i>P</i>	<i>T</i>	<i>PVL</i>	<i>PL</i>	<i>CP</i>
	<u>Katalyse</u>	2	2	0	0	Tem/15	Ms/90	5

4739 Umweltmetagenomik

<i>Modulname:</i>	Umweltmetagenomik	<i>Unterrichtssprache:</i>	deutsch
<i>Modulnummer:</i>	4739	<i>Abschluss:</i>	M.Sc.
<i>Modulcode:</i>	03-UMG22	<i>Häufigkeit:</i>	jahresweise
<i>Pflicht/Wahl:</i>	Pflicht	<i>Dauer:</i>	1
<i>Studiengang:</i>	Genomische Biotechnologie	<i>Regelsemester:</i>	2
<i>Ausbildungsziele:</i>	Fachkompetenz: - Die Studierenden verstehen grundlegende und angewandte Konzepte der Umweltmetagenomik und deren Relevanz in der Erforschung aquatischer Ökosysteme. - Sie erwerben Kenntnisse über die Probenahme und Untersuchung von Gewässerproben sowie über die Isolierung und Charakterisierung von Algen. - Sie beherrschen molekularbiologische Methoden wie DNA-Extraktion, PCR und Sequenzierungstechniken (z. B. MinION-Sequenzierung). - Sie sind in der Lage, bioinformatische Werkzeuge und Pipelines anzuwenden, um genetische Daten zu analysieren und zuzuordnen. Methodenkompetenz: - Die Studierenden lernen, Umweltproben systematisch zu entnehmen und laboranalytisch zu bearbeiten. - Sie können genetische Marker analysieren, Sequenzdaten verarbeiten und taxonomische Zuordnungen vornehmen. - Sie entwickeln Kompetenzen im Umgang mit tragbaren Sequenzierungsgeräten und moderner bioinformatischer Software. Sozialkompetenz: - Die Studierenden arbeiten effektiv in Teams, um Proben zu analysieren, Daten zu interpretieren und Ergebnisse gemeinsam zu präsentieren. - Einwöchiges gemeinsames Arbeiten am Leibniz-Instituts für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB) am Großen Stechlinsee Transferkompetenz: - Die Studierenden sind in der Lage, Umweltmetagenomik als Werkzeug für ökologische Fragestellungen und biotechnologische Anwendungen einzusetzen. - Sie erkennen den Einfluss von Umweltfaktoren auf mikrobielle Gemeinschaften und können diese Erkenntnisse in interdisziplinären Forschungsansätzen anwenden.		
<i>Lehrinhalte:</i>	Theoretische Inhalte: - Bedeutung der Umweltmetagenomik für die Ökologie und Biotechnologie. - Konzepte der DNA-basierten Analyse von aquatischen Mikroorganismen. - Überblick über Algenspezies und ihre ökologische Relevanz. - Nutzung genetischer Marker für die Taxonomie von Algen. - Prinzipien der MinION-Sequenzierung (Nanopore-Sequenzierung). - Vergleich von tragbaren und hochdurchsatzbasierten Sequenziermethoden. - Nutzung von Datenbanken und Tools für die taxonomische Zuordnung. - Integration genetischer Daten in ökologische und biotechnologische Fragestellungen. Praktische Inhalte: - Probenahmeverfahren für Gewässerproben. - Isolierung und Mikroskopie von Algen unter Feldbedingungen. - Messung von physikochemischen Parametern des Wassers (pH-Wert, Sauerstoffgehalt, Nährstoffe). - DNA-Extraktion aus Umweltproben wie Algenkulturen. - PCR-Analyse genetischer Marker (z. B. 16S/18S rRNA, ITS-Regionen). - Einsatz des MinION-Geräts für die Sequenzierung von DNA. - Verarbeitung von MinION-Sequenzierungsdaten. - Nutzung von Pipelines zur Qualitätskontrolle und Taxonomiezuordnung (z. B. BLAST, Kraken). - Visualisierung und Interpretation der Daten (z. B. Diversitätsanalysen, phylogenetische Zuordnung).		

<i>Lernmethoden:</i>	• Praxisorientiertes Lernen: Die Studierenden führen Probenahmen im Feld durch • Teamarbeit: Gruppenweise Planung und Durchführung der Probenahme. • Hands-on-Experimente: Durchführung molekularbiologischer Standardmethoden (DNA-Extraktion, PCR, Sequenzierung). • Selbstständige Arbeit: Betreuung durch Dozierende, aber eigenständige Protokollerstellung und Durchführung der Experimente. • Workshops: Einführung in bioinformatische Tools, Datenbanken und Pipelines. • Projektbasiertes Lernen: Analyse eigener Sequenzdaten aus der Exkursion, Interpretation der Ergebnisse. • Wissenschaftliche Kommunikation: Vorstellung der Ergebnisse in Kurzvorträgen oder Postern.							
<i>Literatur:</i>	• Taberlet, Bonin, Zinger, Coissac (2018) Environmental DNA: For Biodiversity Research and Monitoring. doi: 10.1093/oso/9780198767220.001.0001 • aktuelle Paper							
<i>Arbeitslast:</i>	75 Stunden Lehrveranstaltungen 75 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
<i>Anbieter:</i>	<u>03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften</u>							
<i>Dozententeam (Rollen):</i>	<u>Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik</u> (Planer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Henrik Buschmann</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer, Aufsicht)							
<i>Lerneinheitsformen und Prüfungen:</i>	<i>Modulstruktur</i>	<i>V</i>	<i>S</i>	<i>P</i>	<i>T</i>	<i>PVL</i>	<i>PL</i>	<i>CP</i>
	<u>Umweltmetagenomik</u>	0	1	4	0	LT	Msn/LA	5

4745 Biodatenvisualisierung

Modulname:	Biodatenvisualisierung	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4745	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-BIODA	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Wahlpflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	2					
Ausbildungsziele:	Aufbauend auf den Inhalten des Moduls "Biodaten-Prozessierung" erlernen die Studierenden in dieser Veranstaltungsreihe, ihre biologischen Daten tiefergehend zu verstehen und zu visualisieren. Ausgehend von einer Wiederholung und Einführung grundlegender statistischer Begriffe und Prinzipien, werden den Studierenden moderne und populäre Datenvisualisierungstechniken praxisnah nähergebracht. Die Veranstaltung zielt darauf ab, diese Methoden so zu vermitteln, dass die Studierenden sie auf eigene problemspezifische Anwendungsszenarien adaptieren können. Die Studierenden erlernen dadurch zudem die in der lebenswissenschaftlichen Literatur häufig gegebene Visualisierungen zu interpretieren als auch kritisch zu hinterfragen.							
Lehrinhalte:	Die Veranstaltungsreihe behandelt folgende Themenbereiche: • Wiederholung/Einführung statistischer Grundlagen (Skalenniveaus, Lagemaße und deren Motivation sowie Interpretation) • Visualisierung von Zusammenhangsmaßen bivariater und multivariater Daten • Daten und Lagemaße als Vektoren interpretieren: Abstände, Unähnlichkeit, Skalierung • Methoden der linearen und nicht-linearen Dimensionsreduktion und darauf aufbauende Analysetechniken (PCA, MDS, UMAP, t-SNE, NMF) • inferenzstatistische Grundlagen, Inferenzstatistiken visualisieren und interpretieren • Strukturentdeckung mittels Methoden des unüberwachten maschinellen Lernens • grafische Ästhetik und Best Practices • Praktische Beispiele in R und punktuell Python							
Lernmethoden:	Tafel- und Tablet-Anschrieb, Beamerpräsentation, Übungsaufgaben und geführte Demonstrationen mit R- und Python-Notebooks							
Literatur:	• T. Rahlf, Datenvisualisierung mit R - 111 Beispiele, Springer Spektrum. 2018 • Bortz, Lienert & Boehnke, Verteilungsfreie Methoden in der Biostatistik, 3. Aufl., Springer. 2008 • Rudolf & Matthias, Biostatistik- Eine Einführung für Biowissenschaftler, Pearson. 2008 • Wollschläger, Grundlagen der Datenanalyse mit R - Eine anwendungsorientierte Einführung, Springer. 2017 • Rauch et al., Zeig mir Biostatistik, Springer. 2014 • Vonthein et al., Zeig mir mehr Biostatistik!, Springer. 2017							
Arbeitslast:	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):	Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik (Planer) Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbbe Wünschiers (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Biodatenvisualisierung	2	0	2	0	LT	Ms/60	5

4742 Maschinelles Lernen

<i>Modulname:</i>	Maschinelles Lernen	<i>Unterrichtssprache:</i>	deutsch					
<i>Modulnummer:</i>	4742	<i>Abschluss:</i>	M.Sc.					
<i>Modulcode:</i>	03-MALE	<i>Häufigkeit:</i>	jahresweise					
<i>Pflicht/Wahl:</i>	Wahlpflicht	<i>Dauer:</i>	1					
<i>Studiengang:</i>	Genomische Biotechnologie	<i>Regelsemester:</i>	2					
<i>Ausbildungsziele:</i>	In der Lehrveranstaltung erwerben die Studierenden Wissen über grundlegende mathematisch-algorithmische Prinzipien im maschinellen Lernen. Schwerpunkt bilden neuronale Netze und Modelle des Hebb"schen Lernens zur Mustererkennung und Klassifikation. Im Computerpraktikum erlernen die Studierenden, einfache Algorithmen in ihrem Verhalten zu modellieren und zu untersuchen.							
<i>Lehrinhalte:</i>	• Biologische Neuronen, Perzeptron, Mehrschicht-Netzwerke, Hebb"sches Lernen, Vektorquantisierung. • Maschinelles Lernen mit MATLAB: Programmierung einfacher Modelle, Konvergenz.							
<i>Lernmethoden:</i>	Kreide und Tafel, Beamer, Vorträge, Übungsaufgaben, eigene Programmierprojekte.							
<i>Literatur:</i>	• C. Bishop: Pattern Recognition and Machine Learning. Springer, 2007. • S. Haykin: Neural Networks. Pearson Education, 2004. • R. Kruse: Computational Intelligence. Teubner, 2011. • H. Ritter, T. Martinetz & K. Schulten: Neural Computation and Self-Organizing Maps. Addison-Wesley, 1992. • M. Mayamoto: Fuzzy Clustering. Springer 2010							
<i>Arbeitslast:</i>	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
<i>Anbieter:</i>	<u>03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften</u>							
<i>Dozententeam (Rollen):</i>	<u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Thomas Villmann</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)							
<i>Lerneinheitsformen und Prüfungen:</i>	<i>Modulstruktur</i>	<i>V</i>	<i>S</i>	<i>P</i>	<i>T</i>	<i>PVL</i>	<i>PL</i>	<i>CP</i>
	<u>Maschinelles Lernen</u>	2	0	2	0	LT	Mm/30	5

4743 Molekulare und zelluläre Biophysik

<i>Modulname:</i>	Molekulare und zelluläre Biophysik	<i>Unterrichtssprache:</i>	deutsch, englisch
<i>Modulnummer:</i>	4743	<i>Abschluss:</i>	M.Sc.
<i>Modulcode:</i>	02-MZBP-21	<i>Häufigkeit:</i>	jahresweise
<i>Pflicht/Wahl:</i>	Wahlpflicht	<i>Dauer:</i>	1
<i>Studiengang:</i>	Genomische Biotechnologie	<i>Regelsemester:</i>	2
<i>Ausbildungsziele:</i>	Im Modul Molekulare und zelluläre Biophysik geht es inhaltlich um vertiefte biophysikalische und physikalische-biochemische Zusammenhänge und Kenntnisse auf den für Ingenieure relevanten Gebieten der Thermodynamik und Kinetik von Biomolekülen sowie der Strukturbiochemie insbesondere von Nukleinsäuren und Proteinen. Das Forschungsgebiet arbeitet interdisziplinär an der Schnittstelle von Biologie, Biochemie und Physik und untersucht grundlegende Fragen mit Bezug zur Biologie, der medizinischen und pharmakologischen Forschung und ihren Anwendungen. Die Studierenden erlangen auf Basis des Grundlagenwissens der Biophysik, Molekülphysik, Biochemie und Physik aus dem Bachelor Studium ein vertieftes Wissen biophysikalischer Zusammenhänge. D.h. die Studierenden können komplexe Zusammenhänge biophysikalischer Gesetze nicht nur mathematisch-physikalisch korrekt beschreiben sondern diese selbstständig an neue Problem (z.B. unbekannte RNA oder Protein Strukturen) anpassen. Vorlesung: Die Studierenden erlangen spezifischen Fachwissen und können die vorgestellten Zusammenhänge nicht nur korrekt wiedergeben, sondern sie mathematisch formulieren, lösen und das Ergebnis biophysikalisch korrekt interpretieren und kritisch überprüfen. Durch die nach dem flipped classroom Prinzip von den Studierenden zu bearbeitenden, wissenschaftlichen Publikation aus international renommierten Journalen (PNAS, JPC, JACS, Angewandte Chemie etc) sind die Studierenden in der Lage Fachwissen auf Englisch zu präsentieren, zu interpretieren und kritisch zu hinterfragen. Seminar: Nach der Teilnahme an den Modulveranstaltungen Seminar/Übung können die Studierenden selbstständig auch für komplexe biophysikalisch Problemstellungen sinnvolle Lösungswege und -strategien anhand des erworbenen Wissens aus der Vorlesung entwickeln und diese mathematisch korrekt formulieren, lösen und das Ergebnis bzw. dessen Lösung physikalisch korrekt interpretieren. Allgemein: Die Studierenden sind nicht nur anhand der erlangten Fach- und Methodenkompetenz in der Lage, wissenschaftliche Sachverhalte und Aussagen (z.B. in Publikationen) selbstständig kritisch zu bewerten sondern wissenschaftliche Zusammenhänge selbstständig neu zu verfassen. The Molecular and Cellular Biophysics module focuses on in-depth biophysical and physical-biochemical relationships and knowledge in the fields of thermodynamics and kinetics of biomolecules as well as structural biology, especially of nucleic acids and proteins, which are relevant for engineers. The research area works interdisciplinary at the interface of biology, biochemistry and physics and investigates fundamental questions related to biology, medical and pharmacological research and its applications. Based on the basic knowledge of biophysics, molecular physics, biochemistry and physics from the bachelor's programme, students acquire a deeper knowledge of biophysical relationships. This means that students will be able to describe complex interrelationships of biophysical laws not only mathematically and physically correct but also to adapt them to new problems (e.g. unknown RNA or protein structures). Lecture: Students acquire specific knowledge and are not only capable of reproducing the presented correlations correctly, but also formulate them mathematically, solve them and interpret the result biophysically correct and check it critically. The scientific publications from internationally renowned journals (PNAS, JPC, JACS, applied chemistry, etc), which are to be worked on by the students according to the flipped classroom principle, enable the students to present, interpret and critically examine specialist knowledge in English. Seminar: Upon completion of the seminar/exercise module, students will be able to independently develop meaningful solutions and strategies for complex biophysical problems based on the knowledge acquired in the lecture, to formulate and solve them mathematically correct and to interpret the result or its solution physically correct. In general: Students acquire technical and methodological competence and are therefore able to critically evaluate scientific facts and statements (e.g. in publications) as well as to independently rewrite scientific contexts.		

<i>Lehrinhalte:</i>	• Polymerphysik von Biomolekülen - Faltung von Biomolekülen (RNA, Proteine) • Thermodynamik von Proteinen • Thermodynamik von Nukleinsäuren • Kinetik biologischer Makromoleküle - Die Wechselwirkung verschiedener Biomoleküle und ihrer Liganden. • Kräfte biologischer Makromoleküle • Physik von Bakterien und Zellen • Polymer physics of biomolecules - Folding of biomolecules (RNA, proteins) • Thermodynamics of proteins • Thermodynamics of nucleic acids • Kinetics of biological macromolecules - The interaction of different biomolecules and their ligands. • Forces of biological macromolecules • Physics of bacteria and cells							
<i>Lernmethoden:</i>	Die biophysikalischen Gesetzmäßigkeiten der Lehrinhalte werden hinsichtlich ihrer technischen Anwendung an ausgewählten Beispielen diskutiert. Die biophysikalische Denk- und Arbeitsweis sowohl der experimentellen als auch in Ansätzen der theoretischen Biophysik wird • in Vorlesungen präsentiert, und • in Seminaren/ in Übungen diskutiert. Der Lehrinhalt wird in den Vorlesungen präsentiert und die Studierenden werden durch dezidierte Fragen aktiv in die Vorlesung eingebunden. Der Lehrinhalt der Vorlesung wird durch die Studierenden selbstständig nachgearbeitet, d.h. die Vorlesungsaufzeichnungen werden sowohl mit dem Vorlesungsskript als auch der Fach-Literatur (siehe Literaturempfehlung) abgeglichen. Sich dabei ergebende Fragen können in allen Formaten (V, S/Ü), vorrangig aber in den Seminaren/Übungen mit den Dozenten besprochen werden. Anhand vorgegebener Aufgaben sollen die Studierenden das selbstständige Lösen biophysikalischer Problem- und Aufgabenstellungen lernen. Im Seminar werden die Lösungen besprochen, wobei in der Diskussion nochmals alle Details, wie Anfangs- und Randbedingungen sowie Vereinfachungen erörtert werden, um auf das Wesentliche aufmerksam zu machen. Gegebenenfalls werden unterschiedliche Lösungswege aufgezeigt und ihre Vor- und Nachteile abgewogen. The biophysical laws of the teaching content are discussed with regard to their technical application using selected examples. The biophysical way of thinking and working, both in experimental and theoretical biophysics, will be • presented in lectures, and • discussed in seminars/ in exercises. The teaching content is presented in the lectures and the students are actively involved in the lecture by asking specific questions. The teaching content of the lecture is independently revised by the students, i.e. the lecture notes are compared with the lecture script as well as the specialist literature (see recommended literature). Questions arising in the process can be discussed with the lecturers in all formats (L, S), but primarily in the seminars/exercises. Based on given tasks, students shall learn how to solve biophysical problems and tasks independently. In the seminar the solutions will be discussed, whereby in the discussion all details, such as initial and boundary conditions as well as simplifications will be discussed again in order to draw attention to the essentials. If necessary, different solutions are shown and their advantages and disadvantages are weighed up.							
<i>Literatur:</i>	• Nölting: Protein folding kinetics, Springer • Russel: Biophysics of RNA folding, Springer • Hinderdorfer, van Oijen, Handbook of Single-Molecule Biophysics, Springer • Börner R: Vorlesungsmanuskript Biophysik 2 wird im Intranet und auf OPAL bereitgestellt.							
<i>Arbeitslast:</i>	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
<i>Anbieter:</i>	<u>02 Fakultät Ingenieurwissenschaften</u>							
<i>Dozententeam (Rollen):</i>	<u>Prof. Dr. rer. nat. Richard Börner</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer)							
<i>Lerneinheitsformen und Prüfungen:</i>	<i>Modulstruktur</i>	<i>V</i>	<i>S</i>	<i>P</i>	<i>T</i>	<i>PVL</i>	<i>PL</i>	<i>CP</i>
	<u>Molekulare und zelluläre Biophysik</u>	3	1	0	0		Ms/120	5

4744 Umweltchemie

<i>Modulname:</i>	Umweltchemie	<i>Unterrichtssprache:</i>	deutsch					
<i>Modulnummer:</i>	4744	<i>Abschluss:</i>	M.Sc.					
<i>Modulcode:</i>	03-UCH22	<i>Häufigkeit:</i>	jahresweise					
<i>Pflicht/Wahl:</i>	Wahlpflicht	<i>Dauer:</i>	1					
<i>Studiengang:</i>	Genomische Biotechnologie	<i>Regelsemester:</i>	2					
<i>Ausbildungsziele:</i>	Kohlenstoff und andere Elemente durchlaufen globale Kreisläufe. Durch die Industrialisierung und die anwachsende Weltbevölkerung nimmt der Mensch zunehmend Einfluss auf diese Kreisläufe. In diesem Modul sollen die Studierenden ein Verständnis über die Zusammenhänge und Abläufe der Kreisläufe erhalten und am Ende des Kurses Einflussfaktoren bewerten können.							
<i>Lehrinhalte:</i>	Themengebiete: Kohlenstoff-Kreislauf (C-Kreislauf, CO2-Gleichgewicht, Klimawandel, Treibhausgase, Power-to-Gas-Anlagen) Ozon (Luftschadstoff, Zerstörung der Ozonschicht) Stickstoff-Kreislauf (Atmosphärischer N-Eintrag, Ammonifikation, Nitrifikation, Eutrophierung von Seen, Dünger und Überdüngung, Nitrate und Nitrite in Lebensmitteln) Kreislauf der Phosphor-Atome Belastung der Umwelt durch Nitrate und Phosphate Bodenuntersuchung							
<i>Lernmethoden:</i>	Das Modul wird vorrangig über online-Live-Veranstaltungen in Form von Vorlesungen und Webinaren gehalten (Präsentationsfolien, Whiteboard mit Aufzeichnung). In moodle-Übungstests, die zur Selbstüberprüfung dienen, können die Studenten Ihr Wissen anwenden. Weiterhin werden Heimexperimente zum verdeutlichenden Lernen vorgeschlagen, die im Webinar besprochen werden.							
<i>Literatur:</i>	Hites, Ronald A.: Umweltchemie: Eine Einführung mit Aufgaben und Lösungen, Wiley-VCH-Verlag							
<i>Fachkompetenz:</i>	Die Studierenden benötigen für den Kurs ein umfassendes Wissen der Grundlagenfächer der Chemie.							
<i>Arbeitslast:</i>	60 Stunden Lehrveranstaltungen 90 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
<i>Anbieter:</i>	<u>03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften</u>							
<i>Dozententeam (Rollen):</i>	<u>Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik</u> (Planer) <u>Prof. Dr. rer. nat. Iris Herrmann-Geppert</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer, Aufsicht)							
<i>Lerneinheitsformen und Prüfungen:</i>	<i>Modulstruktur</i>	<i>V</i>	<i>S</i>	<i>P</i>	<i>T</i>	<i>PVL</i>	<i>PL</i>	<i>CP</i>
	<u>Umweltchemie</u>	2	1	1	0	LT	Ms/90	5

4729 Forschungsmodul (24 Wochen)

Modulname:	Forschungsmodul (24 Wochen)	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4729	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-FORS	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	3					
Ausbildungsziele:	Der Studierende sollte während dieser längeren zusammenhängenden Arbeitstätigkeit in einem Unternehmen oder einer anderen Einrichtung möglichst außerhalb der Hochschule seine bisher erworbenen Kompetenzen anwenden, und zwar in der erforderlichen Kombination aus fachlichem Wissen und übergreifenden (sozialen) Fähigkeiten. Er sollte dabei einen der vielen für die Genomik möglichen Einsatzbereiche genauer kennen lernen, und durch seine Arbeit praktische Erfahrungen und Kompetenzen zur Ergänzung bisheriger Ausbildungsinhalte erwerben, z.B. auch hinsichtlich innerbetrieblicher Organisationsformen und Abläufe. Das Forschungsmodul kann im Rahmen der Ausbildung als eine Art "Kompletttest" hinsichtlich des erreichten Ausbildungsstandes unter "interdisziplinären und industriellen Rahmenbedingungen" betrachtet werden.							
Lehrinhalte:	Praxisaufgabe aus dem Bereich der genomischen Biotechnologie oder angrenzenden Gebieten.							
Lernmethoden:	Selbstständige wissenschaftliche Arbeit							
Literatur:	• Hirsch-Weber, Scherer (2016) Wissenschaftliches Schreiben und Abschlussarbeit in Natur- und Ingenieurwissenschaften. ISBN 978-3825244507 • Schlosser (2021) Wissenschaftliche Arbeiten schreiben mit LaTeX: Leitfaden für Einsteiger. ISBN 978-3747504468 • Schwabe (2019) Word Tipps und Tricks für Dummies. ISBN 978-3527716647 • projektbezogene Fachliteratur							
Arbeitslast:	30 Stunden Lehrveranstaltungen 870 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):	<u>Dipl.-Ing. (FH) Sandra Feik</u> (Planer) <u>M.Sc. René Kretschmer</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Röbbbe Wünschiers</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) <u>Prof. Dr. rer. nat. Iris Herrmann-Geppert</u> (Dozent, Inhaltverantwortlicher, Prüfer) <u>Prof. Dr. rer. nat. habil. Henrik Buschmann</u> (Dozent, Prüfer)							
Teilnahmevoraussetzungen:	50 Credits							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	<u>Forschungsmodul (24 Wochen)</u>							30
	<u>Forschungspraktikum</u>						PI4sn/B	
	<u>Forschungsseminar</u>	0	2	0	0		PI4m/45	

4730 Masterprojekt

Modulname:	Masterprojekt	Unterrichtssprache:	deutsch					
Modulnummer:	4730	Abschluss:	M.Sc.					
Modulcode:	03-MPGB	Häufigkeit:	jahresweise					
Pflicht/Wahl:	Pflicht	Dauer:	1					
Studiengang:	Genomische Biotechnologie	Regelsemester:	4					
Ausbildungsziele:	Die Studierenden verfügen über die Basis, ihre wissenschaftlichen Kenntnisse weiter zu vertiefen. Sie können eine mastertypische Aufgabenstellung auf dem Gebiet der lebenswissenschaftlichen Forschung selbstständig auf wissenschaftlicher Grundlage methodisch bearbeiten; Sie sind in der Lage, Arbeitsergebnisse systematisch darzustellen und zu dokumentieren, sowie aufbauend auf den Resultaten weitere Experimente zu planen. Die Studierenden lernen eigenständiges wissenschaftliches Arbeiten, indem sie bei einem Forschungsprojekt aus dem Gebiet der jeweiligen Arbeitsgruppe experimentelle Arbeiten durchführen und die Daten in die wissenschaftliche Umgebung einordnen. Sie sind in der Lage, Experimente zu konzipieren, durchzuführen und auszuwerten. Sie können sich die erforderlichen theoretischen Hintergründe anhand von Fachliteratur erarbeiten.							
Lehrinhalte:	Der Modulinhalt richtet sich nach dem Thema des Masterprojektes. Die Aufgaben können sowohl Anwendungen in der Industrie als auch individuelle Fragestellungen sein.							
Lernmethoden:	Selbstständige wissenschaftliche Arbeit							
Literatur:	projektbezogen							
Arbeitslast:	30 Stunden Lehrveranstaltungen 870 Stunden Vor- und Nachbereitung der Lehrveranstaltungen, Prüfungsvorbereitung							
Anbieter:	03 Fakultät Angewandte Computer- und Biowissenschaften							
Dozententeam (Rollen):								
Teilnahmevoraussetzungen:	60 Credits Forschungsmodul abgeschlossen							
Lerneinheitsformen und Prüfungen:	Modulstruktur	V	S	P	T	PVL	PL	CP
	Masterprojekt							30
	Masterarbeit						MA	
	Kolloquium					P	PI4sn/K45	
	Masterseminar	0	2	0	0			