

# **Modulverzeichnis**

**zu der Prüfungs- und Studienordnung für den  
konsekutiven Master-Studiengang "Computational  
Biology and Bioinformatics" (Amtliche  
Mitteilungen I Nr. 25/2022 S. 452)**

---



---

## Module

B.Bio-NF.112: Biochemie.....	19410
B.Bio-NF.116: Allgemeine Entwicklungs- und Zellbiologie.....	19411
B.Bio-NF.125: Zell- und Molekularbiologie der Pflanze.....	19412
B.Bio-NF.130: Kognitionspsychologie.....	19413
B.Bio.107: Statistik für Biologen.....	19414
B.Bio.113: Angewandte Bioinformatik.....	19415
B.Inf.1101: Grundlagen der Informatik und Programmierung.....	19416
B.Inf.1131: Data Science: Grundlagen.....	19418
B.Inf.1209: Softwaretechnik.....	19420
B.Inf.1231: Infrastrukturen für Data Science.....	19422
B.Inf.1236: Machine Learning.....	19424
B.Inf.1237: Deep Learning.....	19425
B.Inf.1240: Visualization.....	19426
B.Inf.1504: Maschinelles Lernen in der Bioinformatik.....	19427
B.Inf.1801: Programmierkurs.....	19428
B.Inf.1802: Programmierpraktikum.....	19429
B.Inf.1842: Programmieren für Data Scientists: Python.....	19430
B.Phy.5601: Theoretical and Computational Neuroscience I.....	19431
B.Phy.5602: Theoretical and Computational Neuroscience II.....	19432
B.Phy.5624: Introduction to Theoretical Neuroscience.....	19433
B.Phy.5651: Advanced Computational Neuroscience.....	19434
M.Bio.101: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie.....	19435
M.Bio.102: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie.....	19437
M.Bio.105: Angewandte Bioinformatik in den Molekularen Biowissenschaften.....	19438
M.Bio.106: Strukturbiochemie.....	19440
M.Bio.107: Biochemie und Biophysik.....	19442
M.Bio.141: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie.....	19444
M.Bio.142: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie.....	19445
M.Bio.144: Zell- und Molekularbiologie von Pflanzen-Mikroben-Interaktionen.....	19446

## Inhaltsverzeichnis

---

M.Bio.156: Strukturbiochemie - Schlüsselkompetenzmodul.....	19447
M.Bio.157: Biochemie und Biophysik - Schlüsselkompetenzmodul.....	19448
M.Bio.158: Enzymkatalyse und biologische Chemie - Schlüsselkompetenzmodul.....	19449
M.Bio.172: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie.....	19450
M.Bio.176: Strukturbiochemie.....	19451
M.Bio.310: Systembiologie.....	19452
M.Bio.323: Einführung in die Bayes'sche Inferenz und Informationstheorie.....	19454
M.Bio.340: Bioinformatik der Systembiologie (Schlüsselkompetenzmodul).....	19455
M.Bio.372: Matlab in Biopsychology and Neuroscience.....	19456
M.Biodiv.425: Evolution der Embryophyta.....	19457
M.Biodiv.446: Molekulare Zoologie und Insekten-Biotechnologie.....	19458
M.Biodiv.479: Einführung in die Phylogenomik.....	19460
M.Biodiv.491: "Next Generation Sequencing" in der Evolutionsbiologie.....	19462
M.Biodiv.600: Einführung in die Phylogenetik.....	19464
M.CoBi.501: Bioinformatics and its areas of application.....	19465
M.CoBi.502: Biology for (bio)informaticians.....	19466
M.CoBi.503: Advanced course in Computational Biology.....	19467
M.CoBi.504: Comparative and Evolutionary Genomics.....	19468
M.CoBi.506: Linux and Python for biologists.....	19470
M.CoBi.507: Computational Biomedicine.....	19472
M.Inf.1114: Algorithms on Sequences.....	19474
M.Inf.1142: Semantic Web.....	19476
M.Inf.1232: Parallel Computing.....	19477
M.Inf.1501: Data Mining in der Bioinformatik.....	19479
M.Inf.1505: Models and Algorithms in Bioinformatics.....	19480
M.Inf.2102: Advanced Statistical Learning for Data Science.....	19481
M.WIWI-QMW.0001: Generalized Regression.....	19483
M.WIWI-QMW.0002: Advanced Statistical Inference (Likelihood & Bayes).....	19485
M.iPAB.0003: Statistical genetics, breeding informatics and experimental design.....	19487
M.iPAB.0014: Data Analysis with R.....	19488
SK.Bio-NF.7001: Neurobiology.....	19489

SK.Bio.307: Linux und Python für Biologiestudierende..... 19491

# Übersicht nach Modulgruppen

## I. Master-Studiengang "Computational Biology and Bioinformatics"

Es müssen Module im Umfang von insgesamt 120 C nach Maßgabe der nachfolgenden Bestimmungen erfolgreich absolviert werden.

### 1. Fachstudium (54 C)

Es müssen Module im Umfang von insgesamt 54 C nach Maßgabe der nachfolgenden Bestimmungen erfolgreich absolviert werden. Module, die bereits im Bachelor-Studium absolviert wurden, können nicht erneut belegt werden.

#### a. Brückenmodule

Je nach Vorkenntnissen muss wenigstens eines der folgenden Module im Umfang von insgesamt **10 C** absolviert werden. Hierüber entscheidet der\*die Mentor\*in nach Maßgabe durch die Prüfungskommission zu formulierenden Grundsätze.

In begründeten Einzelfällen kann der\*die Mentor\*in auch Module im Umfang von insgesamt 10 C aus den Wahlpflichtbereichen als Brückenmodule empfehlen, welche dann die Brückenmodule ersetzen oder ergänzen.

B.Inf.1101: Grundlagen der Informatik und Programmierung (10 C, 6 SWS).....	19416
B.Inf.1801: Programmierkurs (5 C, 3 SWS).....	19428
B.Inf.1802: Programmierpraktikum (5 C, 4 SWS).....	19429
B.Inf.1842: Programmieren für Data Scientists: Python (5 C, 3 SWS).....	19430
M.CoBi.502: Biology for (bio)informaticians (10 C, 6 SWS).....	19466
M.CoBi.506: Linux and Python for biologists (5 C, 3 SWS).....	19470

#### b. Pflichtmodul

Es muss folgendes Modul im Umfang von **8 C** erfolgreich absolviert werden:

M.CoBi.501: Bioinformatics and its areas of application (8 C, 7 SWS).....	19465
---	-------

#### c. Wahlpflichtmodule „Bioinformatik“

Es müssen Module im Umfang von insgesamt wenigstens **24 C** aus dem Wahlpflichtbereich Bioinformatik erfolgreich absolviert werden:

B.Bio.107: Statistik für Biologen (4 C, 2 SWS).....	19414
B.Bio.113: Angewandte Bioinformatik (10 C, 7 SWS).....	19415
B.Inf.1504: Maschinelles Lernen in der Bioinformatik (5 C, 4 SWS).....	19427
B.Phy.5601: Theoretical and Computational Neuroscience I (3 C, 2 SWS).....	19431
B.Phy.5602: Theoretical and Computational Neuroscience II (3 C, 2 SWS).....	19432

B.Phy.5624: Introduction to Theoretical Neuroscience (4 C, 2 SWS).....	19433
B.Phy.5651: Advanced Computational Neuroscience (3 C, 2 SWS).....	19434
M.Bio.105: Angewandte Bioinformatik in den Molekularen Biowissenschaften (12 C, 14 SWS).....	19438
M.Bio.310: Systembiologie (12 C, 14 SWS).....	19452
M.Bio.323: Einführung in die Bayes'sche Inferenz und Informationstheorie (12 C, 12 SWS)....	19454
M.Bio.340: Bioinformatik der Systembiologie (Schlüsselkompetenzmodul) (3 C, 2 SWS).....	19455
M.CoBi.504: Comparative and Evolutionary Genomics (12 C, 14 SWS).....	19468
M.CoBi.507: Computational Biomedicine (6 C, 4 SWS).....	19472
M.Inf.1501: Data Mining in der Bioinformatik (6 C, 4 SWS).....	19479
M.Inf.1505: Models and Algorithms in Bioinformatics (6 C, 4 SWS).....	19480
M.iPAB.0003: Statistical genetics, breeding informatics and experimental design (6 C, 4 SWS).....	19487
SK.Bio.307: Linux und Python für Biologiestudierende (4 C, 3 SWS).....	19491

#### **d. Wahlpflichtmodule „Biologie“**

Es müssen Module im Umfang von insgesamt wenigstens **12 C** aus dem Wahlpflichtbereich Biologie erfolgreich absolviert werden. Nach Nr. 1 Buchstabe C absolvierte Module werden nicht erneut berücksichtigt.

B.Bio-NF.112: Biochemie (6 C, 4 SWS).....	19410
B.Bio-NF.116: Allgemeine Entwicklungs- und Zellbiologie (6 C, 4 SWS).....	19411
B.Bio-NF.125: Zell- und Molekularbiologie der Pflanze (6 C, 4 SWS).....	19412
B.Bio-NF.130: Kognitionspsychologie (3 C, 2 SWS).....	19413
M.Bio.101: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie (12 C, 14 SWS).....	19435
M.Bio.102: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie (12 C, 14 SWS).....	19437
M.Bio.105: Angewandte Bioinformatik in den Molekularen Biowissenschaften (12 C, 14 SWS).....	19438
M.Bio.106: Strukturbiochemie (12 C, 14 SWS).....	19440
M.Bio.107: Biochemie und Biophysik (12 C, 14 SWS).....	19442
M.Bio.141: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie (3 C, 3 SWS).....	19444
M.Bio.142: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie (3 C, 3 SWS).....	19445
M.Bio.144: Zell- und Molekularbiologie von Pflanzen-Mikroben-Interaktionen (3 C, 3 SWS)....	19446
M.Bio.156: Strukturbiochemie - Schlüsselkompetenzmodul (3 C, 3 SWS).....	19447
M.Bio.157: Biochemie und Biophysik - Schlüsselkompetenzmodul (3 C, 3 SWS).....	19448

M.Bio.158: Enzymkatalyse und biologische Chemie - Schlüsselkompetenzmodul (3 C, 3 SWS).....	19449
M.Bio.172: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie (6 C, 4 SWS).....	19450
M.Bio.176: Strukturbiochemie (6 C, 4 SWS).....	19451
M.Bio.372: Matlab in Biopsychology and Neuroscience (3 C, 2 SWS).....	19456
M.Biodiv.425: Evolution der Embryophyta (6 C, 4 SWS).....	19457
M.Biodiv.446: Molekulare Zoologie und Insekten-Biotechnologie (6 C, 8 SWS).....	19458
M.Biodiv.479: Einführung in die Phylogenomik (6 C, 6 SWS).....	19460
M.Biodiv.491: "Next Generation Sequencing" in der Evolutionsbiologie (6 C, 4 SWS).....	19462
M.Biodiv.600: Einführung in die Phylogenetik (6 C, 8 SWS).....	19464
M.CoBi.504: Comparative and Evolutionary Genomics (12 C, 14 SWS).....	19468
SK.Bio-NF.7001: Neurobiology (3 C, 2 SWS).....	19489

## 2. Professionalisierungsbereich (36 C)

Es müssen Module im Umfang von insgesamt 36 C nach Maßgabe der nachfolgenden Bestimmungen erfolgreich absolviert werden.

### a. Pflichtmodul

Es muss folgendes Modul im Umfang von **12 C** erfolgreich absolviert werden.

M.CoBi.503: Advanced course in Computational Biology (12 C).....	19467
--	-------

### b. Wahlpflichtmodule „Informatik“

Es müssen Module im Umfang von insgesamt wenigstens **12 C** aus dem Wahlpflichtbereich Informatik erfolgreich absolviert werden. Je nach vorhandenen Vorkenntnissen können in Absprache mit der Mentorin oder dem Mentor auch Module aus dem Wahlpflichtbereich Biologie oder Bioinformatik belegt werden. Nach Nr. 1 Buchstabe C absolvierte Module werden nicht erneut berücksichtigt.

B.Bio.107: Statistik für Biologen (4 C, 2 SWS).....	19414
B.Inf.1131: Data Science: Grundlagen (6 C, 4 SWS).....	19418
B.Inf.1209: Softwaretechnik (5 C, 3 SWS).....	19420
B.Inf.1231: Infrastrukturen für Data Science (6 C, 4 SWS).....	19422
B.Inf.1236: Machine Learning (6 C, 4 SWS).....	19424
B.Inf.1237: Deep Learning (6 C, 4 SWS).....	19425
B.Inf.1240: Visualization (5 C, 3 SWS).....	19426
B.Inf.1801: Programmierkurs (5 C, 3 SWS).....	19428
B.Inf.1802: Programmierpraktikum (5 C, 4 SWS).....	19429



B.Inf.1842: Programmieren für Data Scientists: Python (5 C, 3 SWS).....	19430
M.Bio.323: Einführung in die Bayes'sche Inferenz und Informationstheorie (12 C, 12 SWS)....	19454
M.Inf.1114: Algorithms on Sequences (5 C, 4 SWS).....	19474
M.Inf.1142: Semantic Web (6 C, 4 SWS).....	19476
M.Inf.1232: Parallel Computing (6 C, 4 SWS).....	19477
M.Inf.2102: Advanced Statistical Learning for Data Science (6 C, 4 SWS).....	19481
M.WIWI-QMW.0001: Generalized Regression (6 C, 4 SWS).....	19483
M.WIWI-QMW.0002: Advanced Statistical Inference (Likelihood & Bayes) (6 C, 4 SWS).....	19485
M.iPAB.0014: Data Analysis with R (3 C, 2 SWS).....	19488

### c. Fächerübergreifende Schlüsselkompetenzen

Es können Module im Umfang von bis zu **12 C** aus dem universitätsweiten Modulverzeichnis Schlüsselkompetenzen oder der Prüfungsordnung für Studienangebote der zentralen Einrichtung für Sprachen und Schlüsselqualifikationen (ZESS) belegt werden. Die Prüfungskommission entscheidet über weitere wählbare Module, die in geeigneter Weise bekannt zu machen sind.

### 3. Masterarbeit

Durch die erfolgreiche Anfertigung der Masterarbeit werden 30 C erworben.

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Bio-NF.112: Biochemie</b> <i>English title: Biochemistry</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden erwerben Grundlegende Stoffkenntnisse und einen Überblick über Grundprinzipien biochemischer Reaktionen sowie die Anwendung biochemischer Methoden. Sie erhalten Einsicht in die Grundlagen der Proteinchemie und der Genetik: DNA, RNA, Enzyme, Kohlenhydrate, Lipide und Zellmembranen, Grundlagen des Metabolismus und Signal Transduktion.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Grundlagen der Biochemie (Vorlesung)</b>		4 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b> Grundlegende Kenntnis biochemischer Reaktionen und ihrer Komponenten, sowie biochemischer Methoden.  Anabolismus und Katabolismus von Aminosäuren, Kohlenhydraten, Lipiden und Nukleinsäuren; Synthese, Struktur und Funktion von Makromolekülen; Erzeugung und Speicherung von Stoffwechselenergie		6 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Biologische Grundkenntnisse	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. rer. nat. Ellen Hornung	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 3 - 5	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 20		
<b>Bemerkungen:</b> Das Modul kann nicht in Kombination mit B.Bio.112 belegt werden.		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Bio-NF.116: Allgemeine Entwicklungs- und Zellbiologie</b> <i>English title: General developmental and cell biology</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden lernen entwicklungsbiologisch relevante Aspekte der Zellbiologie, zentrale Themen der tierischen und pflanzlichen Entwicklungsbiologie, klassische und molekularbiologische Methoden der Entwicklungsbiologie und Modellorganismen kennen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Allgemeine Entwicklungs- und Zellbiologie (Vorlesung)</b>		4 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b> Die Studierenden sollen zu folgenden Themen Aussagen auf ihren Wahrheitsgehalt überprüfen können, stichpunktartig Fragen dazu beantworten können und die jeweiligen Grundlagen korrekt darstellen bzw. miteinander vergleichen können: Aufbau der Zelle, Zellkompartimente, Zytoskelett, Mitochondrien, Membranstruktur und -transport, Zellkontakte und -kommunikation, Zellzyklus, Zellteilung, programmierter Zelltod, Kontrolle der eukaryotischen Genexpression, Allgemeine Mechanismen der Entwicklung, Keimzellen und Befruchtung, Furchung, Prinzipien der Musterbildung, Gestaltbildung, Gastrulation, Neurulation, Organogenese, Zellbewegungen, Zellformveränderungen, Methoden der experimentellen Embryologie, Methoden der Entwicklungsgenetik, Kenntnis von Modellorganismen, Achsenbildung, Segmentierungsgene, Homöotische Selektorgene, Evolutionäre Entwicklungsbiologie, Neuronale Entwicklung, Stammzellen und Regeneration, Homöostase, Krebsentstehung, Pflanzenembryogenese, Dormanz und Keimung, Lichtabhängige Entwicklung, Phytohormone, Evolution und Genetik der Blütenbildung.		6 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Biologische Grundkenntnisse	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Ernst Anton Wimmer	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 3 - 5	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 25		
<b>Bemerkungen:</b> Das Modul kann nicht in Kombination mit B.Bio.116 belegt werden.		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Bio-NF.125: Zell- und Molekularbiologie der Pflanze</b> <i>English title: Cell and molecular biology of plants</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden erhalten einen Einblick in die Besonderheiten der pflanzlichen Zelle, erlernen die Beziehung zwischen Struktur und Funktion der Organellen und der Zellwand und bekommen einen Überblick über Transportprozesse und intrazellulärer Signaltransduktion. Sie lernen die Modellpflanze Arabidopsis thaliana kennen und erwerben Kenntnisse der Biosynthese, Signaltransduktion und Wirkung von Phytohormonen sowie der molekularen Anpassungsmechanismen von Pflanzen an verschiedene abiotische und biotische Stressbedingungen. Die Studierenden erhalten einen Überblick zu den aktuellen Fakten der Phylogenie und Biotechnologie von Algen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Zell- und Molekularbiologie der Pflanze (Vorlesung)</b>		4 SWS
<b>Prüfung: Klausur (75 Minuten)</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b> Arabidopsis thaliana als Modellsystem zur Erforschung zell – und molekularbiologischer Prozesse, Methoden zur Erforschung zell- und molekularbiologischer Prozesse, Mechanismen des Transport von Proteinen in unterschiedliche Zellorganellen und in die Zellwand, Mechanismen pflanzlicher Signaltransduktion, Mechanismen pflanzlicher Immunität		6 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Biologische Grundkenntnisse	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Christiane Gatz	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 3 - 5	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 15		
<b>Bemerkungen:</b> Das Modul kann nicht in Kombination mit B.Bio.125 belegt werden.		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		3 C 2 SWS
<b>Modul B.Bio-NF.130: Kognitionspsychologie</b> <i>English title: Cognitive psychology</i>		
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Im Rahmen der Vorlesung erhalten die Studierenden eine Einführung in die Kognitionsforschung. Sie besitzen nach Abschluss des Moduls Kenntnisse der zentralen Konzepte und Forschungsmethoden in diesem Bereich. Es werden Grundlagen des experimentellen Arbeitens zu einzelnen Teilbereichen menschlicher Kognition (z.B. Aufmerksamkeit, Gedächtnis, Sprache, Emotion) vermittelt. Dabei stehen neben klassischen Paradigmen und Theorien psychophysiologische Ansätze und Methoden im Mittelpunkt.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 28 Stunden Selbststudium: 62 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Kognitionspsychologie (Vorlesung)</b>		2 SWS
<b>Prüfung: Klausur (45 Minuten)</b>		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Die Studierenden sollen das in der Vorlesung vermittelte Grundwissen der Kognitionsforschung beherrschen. Sie sollen über die gelernten Fakten hinaus Zusammenhänge des Erwerbens von kognitiven Fähigkeiten, Verhaltensmustern und psychophysiologischer Korrelate höherer Hirnfunktionen verstehen, diese darstellen können und in der Lage sein, das erworbene Wissen auf neue Situationen anzuwenden.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Annekathrin Schacht	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> ab 3	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 25		
<b>Bemerkungen:</b> Das Modul kann nicht in Kombination mit B.Bio.130 belegt werden.		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Bio.107: Statistik für Biologen</b> <i>English title: Statistics for biologists</i>		4 C 2 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Nach erfolgreichem Absolvieren des Moduls haben die Studierenden ein theoretisches Verständnis der grundlegenden wahrscheinlichkeitstheoretischen Begriffe und der elementaren Methoden der beschreibenden und schließenden Statistik. Sie sind in der Lage, selbständig einfache statistische Tests und Abschätzungen durchzuführen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 28 Stunden Selbststudium: 92 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Vorlesung Statistik</b> (Vorlesung) Es werden die zugehörigen Übungen Statistik im Umfang von 2 SWS empfohlen.		2 SWS
<b>Prüfung: Klausur (120 Minuten)</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b> Die Studierenden sollen in der Lage sein, die in der Vorlesung behandelten statistischen Ansätze, Methoden und Tests in konkreten Situationen anzuwenden. Hierbei sollen sie einerseits in der Lage sein, in der jeweiligen Situation den passenden Test bzw. Ansatz zu finden, mit dem die entsprechende Frage gelöst werden kann. Andererseits sollen sie in der Lage sein, mit Hilfe dieses Ansatzes das gegebene Problem numerisch zu lösen.		4 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> B.Mat.0811 Mathematik für Biologen	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Michael Wibral	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> dreimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 2	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 240		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Bio.113: Angewandte Bioinformatik</b> <i>English title: Applied bioinformatics</i>		10 C 7 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Nach erfolgreichem Absolvieren des Moduls haben die Studierenden die meisten in der biowissenschaftlichen Forschung benötigten Datenbanken in ihrem Aufbau verstanden und können deren Inhalte kritisch einschätzen. Sie haben die Fähigkeit erworben, selbst biologische Fakten zu strukturieren und in ein Datenbankschema zu übertragen. Sie sind in der Lage, bioinformatische Methoden insbesondere auf die Analyse von Sequenzdaten, biologischen Netzwerken und Genexpressionsdaten kritisch anzuwenden. Sie besitzen die Fähigkeit, grundlegende biologische Prozesse in einem mathematischen Formalismus/Modell zu beschreiben und diese Modelle in gängiger Standardsoftware (R) anzuwenden.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 98 Stunden Selbststudium: 202 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Einführung in die angewandte Bioinformatik (Vorlesung)</b>		4 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme an den praktischen Übungen und erfolgreiches Absolvieren von drei Übungszetteln <b>Prüfungsanforderungen:</b> Identifizierung und Benennung geeigneter Informationsquellen für bestimmte Wissensbereiche im Internet; Darstellung der Grundlagen für ein einfaches Datenbankschema und exemplarische Entwicklung eines solchen Schemas; Benennung und Anwendung von Maßzahlen zur kritischen Bewertung von bioinformatischen Analyseverfahren; Kennen verschiedener grundlegender Methoden des Sequenzvergleichs; Anwendung einzelner Verfahren zur phylogenetischen Rekonstruktion sowie des Informationsbegriffs bei der Analyse von Sequenzdaten; Wiedergabe und Anwendung grundlegender Eigenschaften biologischer Netzwerke und ihrer graphentheoretischen Repräsentation		10 C
<b>Lehrveranstaltung: Internet-basierte Bioinformatik (Übung)</b>		3 SWS
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Für BSc Bio: mindestens 40 C aus dem ersten Studienabschnitt	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Tim Beißbarth	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 3 - 5	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 100		

<p><b>Georg-August-Universität Göttingen</b></p> <p><b>Modul B.Inf.1101: Grundlagen der Informatik und Programmierung</b></p> <p><i>English title: Introduction to Computer Science and Programming</i></p>	<p>10 C 6 SWS</p>
<p><b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Studierende</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• kennen grundlegende Begriffe, Prinzipien und Herangehensweisen der Informatik, kennen einige Programmierparadigmen und Grundzüge der Objektorientierung.</li> <li>• erlangen elementare Grundkenntnisse der Aussagenlogik, verstehen die Bedeutung für Programmsteuerung und Informationsdarstellung und können sie in einfachen Situationen anwenden.</li> <li>• verstehen wesentliche Funktionsprinzipien von Computern und der Informationsdarstellung und deren Konsequenzen für die Programmierung.</li> <li>• erlernen die Grundlagen einer Programmiersprache und können einfache Algorithmen in dieser Sprache codieren.</li> <li>• kennen einfache Datenstrukturen und ihre Eignung in typischen Anwendungssituationen, können diese programmtechnisch implementieren.</li> <li>• analysieren die Korrektheit einfacher Algorithmen und bewerten einfache Algorithmen und Probleme nach ihrem Ressourcenbedarf.</li> </ul>	<p><b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 84 Stunden Selbststudium: 216 Stunden</p>
<p><b>Lehrveranstaltung: Informatik I (Vorlesung, Übung)</b></p>	<p>6 SWS</p>
<p><b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b></p> <p><b>Prüfungsvorleistungen:</b> Nachweis von 50% der in den Übungsaufgaben erreichbaren Punkte. Kontinuierliche Teilnahme an den Übungen.</p> <p><b>Prüfungsanforderungen:</b> In der Prüfung wird das Verständnis der vermittelten Grundbegriffe sowie die aktive Beherrschung der vermittelten Inhalte und Techniken nachgewiesen, z.B.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Kenntnis von Grundbegriffen nachweisen durch Umschreibung in eigenen Worten.</li> <li>• Standards der Informationsdarstellung in konkreter Situation umsetzen.</li> <li>• Ausdrücke auswerten oder Bedingungen als logische Ausdrücke formulieren usw.</li> <li>• Programmablauf auf gegebenen Daten geeignet darstellen.</li> <li>• Programmcode auch in nicht offensichtlichen Situationen verstehen.</li> <li>• Fehler im Programmcode erkennen/korrigieren/klassifizieren.</li> <li>• Datenstrukturen für einfache Anwendungssituationen auswählen bzw. geeignet in einem Kontext verwenden.</li> <li>• Algorithmen für einfache Probleme auswählen und beschreiben (ggf. nach Hinweisen) und/oder einen vorgegebenen Algorithmus (ggf. fragmentarisch) programmieren bzw. ergänzen.</li> <li>• einfache Algorithmen/Programme nach Ressourcenbedarf analysieren.</li> <li>• einfachsten Programmcode auf Korrektheit analysieren.</li> <li>• einfache Anwendungssituation geeignet durch Modul- oder Klassenschnittstellen modellieren.</li> </ul>	<p>10 C</p>
<p><b>Zugangsvoraussetzungen:</b></p>	<p><b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b></p>



---

keine	keine
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Carsten Damm
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> ab bis
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 300	

<p><b>Georg-August-Universität Göttingen</b></p> <p><b>Modul B.Inf.1131: Data Science: Grundlagen</b></p> <p><i>English title: Data Science: Basics</i></p>	<p>6 C 4 SWS</p>
<p><b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Das Modul vermittelt grundlegende Kompetenzen im Umgang mit Daten und ihrer Analyse. Es gliedert sich in vier Teilbereiche</p> <p><b>Konzepte.</b> Nach erfolgreicher Teilnahme</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• kennen Studierende verschiedene Datentypen und können sie mit deskriptiven Statistiken beschreiben</li> <li>• kennen Studierende verschiedene Arten der Datenerhebung (experimentelles Design) und können deren Vorteile und Risiken benennen</li> <li>• kennen Studierende verschiedene Formen von Voreingenommenheit (Bias) in den Daten und die resultierenden Risiken, und können neue Kontexte hinsichtlich Bias bewerten</li> <li>• kennen Studierende Probleme der Fairness in Datenverarbeitung und Erhebung und können neue Kontexte hinsichtlich Fairness bewerten.</li> </ul> <p><b>Software Werkzeuge.</b> Erfolgreiche Teilnahme befähigt Studierende zum</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• benutzen einer Shell zur grundlegenden Datenvorverarbeitung</li> <li>• analysieren von Daten mit grundlegenden Softwarebibliotheken für Datenverarbeitung in Python (Pandas, Numpy, Scipy, Matplotlib, ...)</li> <li>• testen von Software und statischen Algorithmen auf Korrektheit</li> </ul> <p><b>Statistische Werkzeuge.</b> Erfolgreiche Teilnahme befähigt Studierende zum</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• unterscheiden zwischen statistischer Inferenz und deskriptiver Statistik</li> <li>• beherrschen der Grundlagen statistischer Inferenz (Fehler, p-Wert, Trennschärfe, Null-Hypothese, Konfidenzintervalle, ...) und vorhersagen welche Parameter diese beeinflussen</li> <li>• durchführen einfacher statistischer Tests mit Bootstrap- und Permutationstests</li> <li>• anwenden grundlegender Methoden des überwachten und unüberwachten Maschinellen Lernen (Klassifikation, Regression, Clustering).</li> </ul> <p><b>Stil.</b> Erfolgreiche Teilnahme befähigt Studierende zum</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• anwenden guter Praktiken von Visualisierung von Daten</li> <li>• verfassen aussagekräftiger Projektberichte</li> <li>• strukturieren von reproduzierbaren Daten- und Softwareprojekten</li> <li>• strukturieren von Software für Wiederverwendbarkeit</li> <li>• anwenden von Prinzipien guter Codestrukturierung und -praktiken</li> <li>• anwenden grundlegende Formen des Projekt- und Team-Managements</li> </ul>	<p><b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden</p>
<p><b>Lehrveranstaltung: Data Science: Grundlagen</b> (Vorlesung, Übung)</p>	<p>4 SWS</p>
<p><b>Prüfung: Take-Home-Klausur (Bearbeitungszeitraum: 1 Woche) (1 Wochen)</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b></p>	<p>6 C</p>

- Fähigkeit grundlegende statistische Begrifflichkeiten und Konzepte anzuwenden (Statistiken, einfache Tests mit Permutationen oder Bootstrapping, Konfidenzintervalle, ...) und zu interpretieren
- Kenntnis verschiedener Datentypen, und die Fähigkeit sie mit deskriptiven Statistiken zu beschreiben und geeignet visuell darstellen
- Fertigkeit Daten mit geeigneten Softwarebibliotheken und Shell in Python zu verarbeiten
- Kenntnis verschiedener Arten der Datenerhebung und Fähigkeit zur Bewertung der Vorteile und Risiken
- Kenntnis verschiedener Formen von Voreingenommenheit (Bias) in den Daten und die resultierenden Risiken, und Fähigkeit zur Bewertung neuer Kontexte hinsichtlich Bias
- Fähigkeit zur Evaluation von Fairness in Datenverarbeitung und Erhebung in neuen Kontexten
- Kenntnis von Prinzipien guter Codestrukturierung und Fähigkeit diese auf Code anwenden
- Fähigkeit statistische Algorithmen zu testen und debuggen
- Fähigkeit grundlegende Methoden des überwachten und unüberwachten Maschinellen Lernen auf neue Probleme anzuwenden
- Kenntnis guter Praktiken von Berichtverfassung und Fähigkeit sie auf neue Projekte anwenden
- Fähigkeit Daten und Softwareprojekte reproduzierbar zu strukturieren

<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Grundkenntnisse in Python
<b>Sprache:</b> Deutsch, Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Fabian Sinz
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 2
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 100	

**Bemerkungen:**

Durch erfolgreiches Lösen und Erklären der Übungsaufgaben können Bonus-Prozent für die Klausur erworben werden.

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Inf.1209: Softwaretechnik</b> <i>English title: Software Engineering</i>		5 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden <ul style="list-style-type: none"> <li>• kennen Geschichte, Definition, Aufgaben und Wissensgebiete der Softwaretechnik.</li> <li>• wissen was ein Softwareprojekt ist, welche Personen und Rollen in Softwareprojekten ausgefüllt werden müssen und wie Softwareprojekte in Unternehmensstrukturen eingebettet werden können.</li> <li>• kennen unterschiedliche Vorgehens- und Prozessmodelle der Softwaretechnik,</li> <li>• kennen deren Vor- und Nachteile und wissen wie die Qualität von Softwareentwicklungsprozessen bewertet werden können.</li> <li>• kennen verschiedene Methoden der Kosten- und Aufwandsschätzung für Softwareprojekte.</li> <li>• kennen die Prinzipien und verschiedene Verfahren für die Anforderungsanalyse für Softwareprojekte.</li> <li>• kennen die Prinzipien und mindestens eine Vorgehensweise für den Software Entwurf.</li> <li>• kennen die Prinzipien der Software Implementierung.</li> <li>• kennen die grundlegenden Methoden für die Software Qualitätssicherung.</li> </ul>		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 108 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Softwaretechnik</b> (Vorlesung, Übung) <i>Inhalte:</i> Software-Qualitätsmerkmale, Projekte, Vorgehensmodelle, Requirements-Engineering, Machbarkeitsstudie, Analyse, Entwurf, Implementierung, Qualitätssicherung		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten) oder mündliche Prüfung (ca. 20 Min.)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> B.Inf.1209.Ue: Erarbeiten und Vorstellen der Lösung mindestens einer Übungsaufgabe (Präsentation und schriftliche Ausarbeitung), sowie die aktive Teilnahme an den Übungen. <b>Prüfungsanforderungen:</b> Definition und Aufgaben der Softwaretechnik, Definition Softwareprojekt, Personen und Rollen in Softwareprojekten, Einbettung von Softwareprojekten in Unternehmensstrukturen, Vorgehens- und Prozessmodelle und deren Bewertung, Aufwands- und Kostenabschätzung, Anforderungsanalyse, Design, Implementierung und Qualitätssicherung		5 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> B.Inf.1101, B.Inf.1801, B.Inf.1802	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Jens Grabowski	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jährlich	<b>Dauer:</b> 1 Semester	

---

<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 100	

<p><b>Georg-August-Universität Göttingen</b></p> <p><b>Module B.Inf.1231: Infrastructures of Data Science</b></p>	<p>6 C 4 WLH</p>
<p><b>Learning outcome, core skills:</b> Upon completion the course, students</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• understand the basic functions of data science infrastructures and their significance.</li> <li>• understand basic data types and their specifics.</li> <li>• understand the most important technical infrastructures for storing and processing data locally and in the cloud as well as their advantages and disadvantages in relation to data science applications.</li> <li>• can apply the concept of the data lake to basic data science problems.</li> <li>• are able to apply the different steps of data pre-processing to selected data sets.</li> <li>• can identify the characteristics of time series and graph data and are able to recall the functions of DBMSs designed for their processing.</li> <li>• can present the basic tasks of data analysis platforms and can describe them using examples.</li> <li>• can apply methods and tools for the presentation and visualisation of data.</li> <li>• can model basic data science workflows and are able to transfer their knowledge to basic data science projects.</li> </ul>	<p><b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 124 h</p>
<p><b>Course: Infrastructures of Data Science</b> (Lecture, Exercise)</p> <p><i>Contents:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Data types and their characteristics</li> <li>• Common functions of data science infrastructures</li> <li>• Storage, compute, and cloud infrastructures for data science</li> <li>• Concept of a data lake</li> <li>• Data pre-processing methods and selected tools</li> <li>• Time series and graph data, the respective DBMS, and query languages</li> <li>• Data analytics platforms</li> <li>• Data presentation and visualization</li> <li>• Data science workflows and selected infrastructure components</li> </ul>	<p>4 WLH</p>
<p><b>Examination: In-class, written exam (90 min) or oral exam (approx. 30 min.)</b></p> <p><b>Examination prerequisites:</b> Students complete 50% of the homework exercises.</p> <p><b>Examination requirements:</b> Through the examination students demonstrate that they are able to describe basic functions of (cloud-based) data science infrastructures as well as to specify and identify basic data types. Students can also prove their understanding of data lakes and can apply their knowledge of MapReduce and Hadoop in that particular context. They can analyse basic data pre-processing problems and sketch common solutions. Student can show that they understand time series and graph data as well as the corresponding DBMS and that they can present common tasks of data analysis platforms. Through the examination, students also demonstrate their ability to select appropriate methods for visualising data and show that they are able to create basic data science workflows.</p>	<p>6 C</p>

---

<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Python and basic database knowledge (recommended, not mandatory)
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Hon.-Prof. Dr. Philipp Wieder
<b>Course frequency:</b> each summer semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> Bachelor: 3 - 6; Master: 1 - 2
<b>Maximum number of students:</b> 50	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module B.Inf.1236: Machine Learning</b>		6 C 4 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> Students <ul style="list-style-type: none"> <li>• learn concepts and techniques of machine learning and understand their advantages and disadvantages compared with alternative approaches</li> <li>• learn techniques of supervised learning for classification and regression</li> <li>• learn techniques of unsupervised learning for density estimation, dimensionality reduction and clustering</li> <li>• implement machine learning algorithms like linear regression, logistic regression, kernel methods, tree-based methods, neural networks, principal component analysis, k-means and Gaussian mixture models</li> <li>• solve practical data science problems using machine learning methods</li> </ul>		<b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 124 h
<b>Course: Machine Learning (Lecture)</b> Bishop: Pattern recognition and machine learning. <a href="https://cs.ugoe.de/prml">https://cs.ugoe.de/prml</a>		2 WLH
<b>Examination: Written examination (90 minutes)</b> <b>Examination prerequisites:</b> B.Inf.1236.Ex: At least 50% of homework exercises solved and N-1 attempts presented to tutors <b>Examination requirements:</b> Knowledge of the working principles, advantages and disadvantages of the machine learning methods covered in the lecture		6 C
<b>Course: Machine Learning - Exercise (Exercise)</b> <i>Contents:</i> Students present their solutions of the homework exercises to tutors and discuss them with their tutors.		2 WLH
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Knowledge of basic linear algebra and probability English language proficiency at level B2 (CEFR)	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Alexander Ecker	
<b>Course frequency:</b> each summer semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 4	
<b>Maximum number of students:</b> 100		



<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		6 C
<b>Module B.Inf.1237: Deep Learning</b>		4 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> Students <ul style="list-style-type: none"> <li>• learn concepts and techniques of deep learning and understand their advantages and disadvantages compared to alternative approaches</li> <li>• learn to solve practical data science problems using deep learning</li> <li>• implement deep learning techniques like multi-layer perceptrons, convolutional neural networks and other modern deep learning architectures</li> <li>• learn techniques for optimization and regularization of deep neural networks</li> <li>• learn applications of deep neural networks for computer vision tasks such as segmentation and object detection</li> </ul>		<b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 124 h
<b>Course: Deep Learning for Computer Vision (Lecture)</b> Goodfellow, Bengio, Courville: Deep Learning. <a href="https://www.deeplearningbook.org">https://www.deeplearningbook.org</a> Bishop: Pattern Recognition and Machine Learning. <a href="https://cs.ugoe.de/prml">https://cs.ugoe.de/prml</a>		2 WLH
<b>Examination: Written examination (90 minutes)</b> <b>Examination prerequisites:</b> B.Inf.1237.Ex: At least 50% of homework exercises solved and N-1 attempts presented to tutors <b>Examination requirements:</b> Knowledge of basic deep learning techniques, their advantages and disadvantages and approaches to optimization and regularization. Ability to implement these techniques.		6 C
<b>Course: Deep Learning for Computer Vision - Exercise (Exercise)</b> <i>Contents:</i> Students present their solutions of the homework exercises to tutors and discuss them with their tutors.		2 WLH
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Basic knowledge of linear algebra and probability Completion of B.Inf.1236 Machine Learning or equivalent	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Constantin Pape Prof. Dr. Alexander Ecker	
<b>Course frequency:</b> each winter semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 5	
<b>Maximum number of students:</b> 100		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module B.Inf.1240: Visualization</b>		5 C 3 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> Knowledge of <ul style="list-style-type: none"> <li>• the potentials and limitations of data visualization</li> <li>• the fundamentals of visual perception and cognition and their implications for data visualization. Students can apply these to the design of visualizations and detect manipulative design choices</li> <li>• a broad variety of techniques for visual representation of data, including abstract and high-dimensional data. Students can select appropriate methods on new problems</li> <li>• integration of visualization into the data analysis process, algorithmic generation and interactive methods</li> </ul>		<b>Workload:</b> Attendance time: 42 h Self-study time: 108 h
<b>Course: Visualization</b> (Lecture, Exercise)		3 WLH
<b>Examination: Practical project (2-3 weeks) with presentation and questions during oral exam in groups (approx. 20 minutes per examinee).</b> <b>Examination prerequisites:</b> At least 50% of homework exercises solved. <b>Examination requirements:</b> Knowledge of potentials and limitations of data visualization, fundamentals of visual perception and their implications for good design choices, techniques for visual representation and how to use them.		5 C
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Foundations of linear algebra and analysis (e.g. B.Mat.0801 and B.Mat.0802) and programming skills (e.g. B.Inf.1842).	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Bernhard Schmitzer	
<b>Course frequency:</b> once a year	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 3 - 6	
<b>Maximum number of students:</b> 50		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		5 C 4 SWS
<b>Modul B.Inf.1504: Maschinelles Lernen in der Bioinformatik</b> <i>English title: Maschine Learning in Bioinformatics</i>		
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Es sollen grundlegende Konzepte des maschinellen Lernens anschaulich vermittelt werden. Ziel ist das Verständnis der statistischen Voraussetzungen und der algorithmischen Umsetzung von maschinellen Lernverfahren. Dabei soll sowohl eine formale Beschreibung als auch die Implementation von einzelnen Methoden praktisch nachvollzogen werden können. Die Anwendungsmöglichkeiten der Methoden sollen vornehmlich im Kontext von mehrdimensionalen biomedizinischen Daten diskutiert und erprobt werden.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 94 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Maschinelles Lernen</b> (Vorlesung, Übung)		4 SWS
<b>Prüfung: Mündlich (ca. 20 Minuten)</b>		5 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Die Studierenden können Konzepte des Maschinellen Lernens selbständig verstehen und anwenden.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Biologische und mathematische Grundkenntnisse	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. Peter Meinicke	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 3 - 5	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 15		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Inf.1801: Programmierkurs</b> <i>English title: Programming</i>		5 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden erlernen eine aktuelle Programmiersprache, sie <ul style="list-style-type: none"> <li>• beherrschen den Einsatz von Editor, Compiler und weiteren Programmierwerkzeugen (z.B. Build-Management-Tools).</li> <li>• kennen grundlegende Techniken des Programmierentwurfs und können diese anwenden.</li> <li>• kennen Standarddatentypen (z.B. für ganze Zahlen und Zeichen) und spezielle Datentypen (z.B. Felder und Strukturen).</li> <li>• kennen die Operatoren der Sprache und können damit gültige Ausdrücke bilden und verwenden.</li> <li>• kennen die Anweisungen zur Steuerung des Programmablaufs (z.B. Verzweigungen und Schleifen) und können diese anwenden.</li> <li>• kennen die Möglichkeiten zur Strukturierung von Programmen (z.B. Funktionen und Module) und können diese einsetzen.</li> <li>• kennen die Techniken zur Speicherverwaltung und können diese verwenden.</li> <li>• kennen die Möglichkeiten und Grenzen der Rechnerarithmetik (z.B. Ganzzahl- und Gleitkommarithmetik) und können diese beim Programmierentwurf berücksichtigen.</li> <li>• kennen die Programmbibliotheken und können diese einsetzen.</li> </ul>		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 108 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Grundlagen der C-Programmierung</b> (Blockveranstaltung)		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten), unbenotet</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b> Standarddatentypen, Konstanten, Variablen, Operatoren, Ausdrücke, Anweisungen, Kontrollstrukturen zur Steuerung des Programmablaufs, Strings, Felder, Strukturen, Zeiger, Funktionen, Speicherverwaltung, Rechnerarithmetik, Ein-/Ausgabe, Module, Standardbibliothek, Präprozessor, Compiler, Linker		5 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. Henrik Brosenne	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 120		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Inf.1802: Programmierpraktikum</b> <i>English title: Training in Programming</i>		5 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden erlernen eine objektorientierte Programmiersprache, sie <ul style="list-style-type: none"> <li>• kennen die gängigen Programmierwerkzeuge (Compiler, Build-Management-Tools) und können diese benutzen.</li> <li>• kennen die Grundsätze und Techniken des objektorientierten Programmierens (z.B. Klassen, Objekte, Kapselung, Vererbung, Polymorphismus) und können diese anwenden.</li> <li>• kennen eine Auswahl der zur Verfügung stehenden Application Programming Interfaces (APIs) (z.B. Collections-, Grafik-, Thread-API)</li> <li>• können Dokumentationskommentare benutzen und kennen die Werkzeuge zur Generierung von API-Dokumentation.</li> <li>• kennen Techniken und Werkzeuge zur Versionskontrolle und können diese anwenden.</li> <li>• können Programme erstellen, die konkrete Anforderungen erfüllen, und deren Korrektheit durch geeignete Testläufe überprüfen.</li> <li>• kennen die Prinzipien und Methoden der projektbasierten Teamarbeit und können diese umsetzen.</li> </ul>		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 94 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Programmierpraktikum</b> (Praktikum, Vorlesung)		
<b>Prüfung: Mündlich (ca. 20 Minuten)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> B.Inf.1802.Ue: Lösung von 50% der Programmieraufgaben. <b>Prüfungsanforderungen:</b> Klassen, Objekte, Schnittstellen, Vererbung, Pakete, Exceptions, Collections, Typisierung, Grafik, Threads, Thread-Synchronisation, Prozess-Kommunikation, Dokumentation, Archive, Versionskontrolle		5 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> B.Inf.1101	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> B.Inf.1801	
<b>Sprache:</b> Deutsch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. Henrik Brosenne	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 80		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Inf.1842: Programmieren für Data Scientists: Python</b> <i>English title: Programming for Data Scientists: Python</i>		5 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden erlernen Python. Sie <ul style="list-style-type: none"> <li>• beherrschen den Zugriff auf Daten aus verschiedenen Quellen, unter anderem aus lokalen Dateien und aus Datenbanken.</li> <li>• sind in der Lage, Algorithmen zur Auswertung von Daten zu implementieren.</li> <li>• kennen Programmbibliotheken, z.B. zum Maschinellen Lernen, und können diese anwenden.</li> <li>• kennen Programmbibliotheken zur Visualisierung und können Ergebnisgrafiken erstellen.</li> </ul>		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 108 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Programmierpraktikum für Data Scientists</b> (Praktikum, Vorlesung)		3 SWS
<b>Prüfung: Projektarbeit und mündliche Prüfung (ca. 20 Minuten), unbenotet</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> Lösung von 50% der Programmieraufgaben <b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnis der Syntax und Semantik der Programmiersprache, Kenntnis von Bibliotheken und Befehlen zur Lösung von Data Science Problemen, statistischen Tests und zur Visualisierung, grundlegende Kenntnisse von Pytorch und Tensorflow.		5 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Deutsch, Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Hon.-Prof. Dr. Philipp Wieder Prof. Dr. Bela Gipp	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Semester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 1	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 50		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		3 C 2 SWS
<b>Modul B.Phys.5601: Theoretical and Computational Neuroscience I</b> <i>English title: Theoretical and Computational Neuroscience I</i>		
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Nach erfolgreichem Absolvieren des Moduls sollten die Studierenden... <ul style="list-style-type: none"> <li>• ein vertieftes Verständnis folgender Themen entwickelt haben: TCN I: biophysikalische Grundlagen neuronaler Anregbarkeit, mathematische Grundlagen neuronaler Anregbarkeit, Input-Output Beziehungen und Bifurkationen, Klassifizierung, Existenz, Stabilität und Koexistenz synchroner und asynchroner Zustände in spikenden neuronalen Netzwerken;</li> <li>• Methoden und Methodenentwicklung für die Analyse hochdimensionaler Modelle ratenkodierter Einheiten in Feldmodellen verstehen;</li> <li>• die Handhabung von Bifurkationsszenarien und zugehörigen Instabilitäten verstanden haben.</li> </ul>		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 28 Stunden Selbststudium: 62 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Collective Dynamics Biological Neural Networks I (Vorlesung)</b>		
Von den folgenden Prüfungen ist genau eine erfolgreich zu absolvieren:		
<b>Prüfung: Klausur (120 Minuten)</b>	3 C	
<b>Prüfung: Mündlich Mündliche Prüfung (ca. 30 Minuten)</b>	3 C	
<b>Prüfung: Vortrag (2 Wochen Vorbereitungszeit) (30 Minuten)</b>	3 C	
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Grundlagen der Membranbiophysik; Bifurkationen anregbarer Systeme; Verständnis der Grundlagen der Modellierungsansätze der Neurophysik; kollektive Zustände spikender neuronaler Netzwerke; insbesondere Synchronizität; Balanced State; Phase-Locking und diesen Zuständen unterliegenden lokalen und Netzwerkeigenschaften; Netzwerktopologie; Delays; inhibitorische und exzitatorische Kopplung; sparse random networks		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Fred Wolf	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> dreimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> Bachelor: 4 - 6; Master: 1	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 90		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul B.Phy.5602: Theoretical and Computational Neuroscience II</b> <i>English title: Theoretical and Computational Neuroscience II</i>	3 C 2 SWS
--	--------------

<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Nach erfolgreichem Absolvieren des Moduls sollten Studierende... <ul style="list-style-type: none"> <li>• das vertiefte Verständnis folgender Themen entwickelt haben: TCN II: Grundlagen neuronaler Anregbarkeit, Input-Output Beziehungen bei Einzelneuronen, eindimensionale Feldmodelle (Feature Selectivity, Contrastinvariance), zweidimensionale Feldmodell (Zusammenwirken von kurz- und langreichweitigen Verbindungen sowie lokaler Nichtlinearitäten), Amplitudengleichungen und ihre Lösungen;</li> <li>• Methoden und Methodenentwicklung für die Analyse spikender neuronaler Netzwerke mit und ohne Delays, Handhabung von Bifurkationsszenarien und zugehörigen Instabilitäten verstehen.</li> </ul>	<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 28 Stunden Selbststudium: 62 Stunden
---	--

<b>Lehrveranstaltung: Collective Dynamics Biological Neural Networks II (Vorlesung)</b>	
---	--

Von den folgenden Prüfungen ist genau eine erfolgreich zu absolvieren:	
<b>Prüfung: Klausur (120 Minuten)</b>	3 C
<b>Prüfung: Mündlich (ca. 30 Minuten)</b>	3 C
<b>Prüfung: Seminarvortrag (2 Wochen Vorbereitungszeit) (30 Minuten)</b>	3 C

<b>Prüfungsanforderungen:</b> Ratenmodelle von Einzelneuronen; Feldansatz in der theoretischen Neurophysik; Grundlagen der Bifurkationen anregbarer System; Verständnis der Grundlagen der Modellierungsansätze der Neurophysik; Zusammenhang diskrete/kontinuierliche Modelle; kollektive Zustände ein- und zweidimensionaler Feldmodelle, insbesondere ring model of feature selectivity; orientation preference maps.	
---	--

<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Fred Wolf
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester
<b>Wiederholbarkeit:</b> dreimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> Bachelor: 4 - 6; Master: 1
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 90	



<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		4 C
<b>Module B.Phy.5624: Introduction to Theoretical Neuroscience</b>		2 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> After successfully completing this course, students should understand and be able to employ the fundamental concepts, model representations and mathematical methods of the theoretical physics of neuronal systems.		<b>Workload:</b> Attendance time: 28 h Self-study time: 92 h
<b>Course: Seminar</b>		
<b>Examination: Lecture (approx. 60 minutes)</b> <b>Examination prerequisites:</b> Active Participation <b>Examination requirements:</b> Elementary knowledge of the construction, biophysics and function of nerve cells; probabilistic analysis of sensory encoding; simple models of the dynamics and information processing in networks of biological neurons; modelling of the biophysical foundations of learning processes.		4 C
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> none	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Fred Wolf	
<b>Course frequency:</b> each summer semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> three times	<b>Recommended semester:</b> Bachelor: 4 - 6; Master: 1 - 4	
<b>Maximum number of students:</b> 25		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		3 C 2 WLH
<b>Module B.Phy.5651: Advanced Computational Neuroscience</b>		
<b>Learning outcome, core skills:</b> Participants in the course can explain and relate biological foundations and mathematical modelling of selected (neuronal) algorithms for learning and pattern formation.  Based on the the algorithms' properties, they can discuss and derive possible technical applications (robots).		<b>Workload:</b> Attendance time: 28 h Self-study time: 62 h
<b>Course: Advanced Computational Neuroscience I (Lecture)</b>		
<b>Examination: Written examination (90 Min.) or oral examination (approx. 20 Min.)</b> <b>Examination requirements:</b> Algorithms for learning: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Unsupervised Learning (Hebb, Differential Hebb),</li> <li>• Reinforcement Learning,</li> <li>• Supervised Learning</li> </ul> Algorithms for pattern formation.  Biological motivation and technical Application (robots).		3 C
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Basics Computational Neuroscience	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Florentin Andreas Wörgötter	
<b>Course frequency:</b> each winter semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> three times	<b>Recommended semester:</b> Bachelor: 5 - 6; Master: 1 - 4	
<b>Maximum number of students:</b> 50		
<b>Additional notes and regulations:</b> Hinweis: Die B.Phy.5652 kann als vorlesungsbegleitendes Praktikum besucht werden.		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		12 C 14 SWS
<b>Modul M.Bio.101: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie</b> <i>English title: General and applied microbiology</i>		
<p><b>Lernziele/Kompetenzen:</b></p> <p><b>Lernziele:</b> Evolution und phylogenetisches System, Morphologie und Zellbiologie, Lebensgemeinschaften und symbiontische Beziehungen der Bakterien und Archaeen; Genexpression und molekulare Kontrolle (Transkription, Translation); Posttranslationale Kontrolle, Proteinstabilität und Proteomics; Genetische Netzwerke; Molekulare Schalter und Signaltransduktion; mikrobielle Entwicklungsbiologie; Pathogenitätsmechanismen der wichtigsten Krankheitserreger; Entwicklung neuer antimikrobieller Wirkstoffe; die Vielfalt des Stoffwechsels in Bakterien und Archaeen als Grundlage für biotechnologische Anwendungen; industrielle Mikrobiologie.</p> <p>Erlernen der molekularbiologischen, genetischen, und biochemischen Manipulations- und Untersuchungstechniken für die in den beteiligten Abteilungen verwendeten Modellorganismen anhand von Versuchen aus den Arbeitsgebieten der einzelnen Forschergruppen, darunter Strukturelle Analyse und Klassifizierung von Bakterien, Transformation, DNA-Isolation, DNA-Sequenzanalyse, diagnostische und Real time-PCR, Fluoreszenzmikroskopie, Enzymtests, Klonierung, Proteinaufreinigung.</p> <p><b>Kompetenzen:</b> Kenntnis biotechnologisch und medizinisch relevanter Mikroorganismen, Fähigkeit, diese Organismen zu identifizieren und mit molekularen Methoden zu untersuchen. Selbstständiges Aneignen von Fachwissen und kritisches Auseinandersetzen mit aktuellen Themen der Mikrobiologie aus Publikationen.</p>		<p><b>Arbeitsaufwand:</b></p> <p>Präsenzzeit: 196 Stunden</p> <p>Selbststudium: 164 Stunden</p>
<b>Lehrveranstaltung: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie</b> (Vorlesung)		3 SWS
<p><b>Prüfung: Klausur zum Inhalt der Vorlesung (90 Minuten) [90% der Gesamtnote] und Seminarvortrag (ca. 15 Minuten) [10% der Gesamtnote]</b></p> <p><b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme an Seminar und Praktikum; testiertes Praktikumsprotokoll (max. 10 Seiten)</p>		12 C
<b>Lehrveranstaltung: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie</b> (Seminar)		1 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Isolation und Charakterisierung biotechnologisch relevanter Mikroorganismen</b> (Laborpraktikum) oder		
<b>Lehrveranstaltung: Signalübertragung in Bakterien</b> (Laborpraktikum)		10 SWS
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse in Zellbiologie, Biochemie und Genetik prokaryotischer Mikroorganismen sowie detaillierte Kenntniss molekularbiologischer, genetischer und biochemischer Methoden zur Analyse prokaryotischer Mikoorganismen.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b>	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	

Kann nicht in Kombination mit Schlüsselkompetenzmodul M.Bio.141 belegt werden.	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Jörg Stülke
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 48	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.102: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> <i>English title: Molecular genetics and microbial cell biology</i>		12 C 14 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Vertiefte Kenntnisse der Molekularen Genetik und mikrobiellen Zellbiologie an Fallbeispielen von Modellsystemen der molekularen Mykologie (Hefen und filamentöse Pilze). Einarbeitung in ein Thema bis auf die "Review"-Ebene. <b>Praktikum:</b> Forschungs- und Projekt-orientiertes Erlernen molekularbiologischer, genetischer, biochemischer und zellbiologischer Methoden in den beteiligten Abteilungen in kleinen Gruppen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 196 Stunden Selbststudium: 164 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> (Vorlesung)		3 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> (Seminar)		1 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Genetik/Zellbiologie</b> (Laborpraktikum)		10 SWS
<b>Prüfung: Klausur zum Inhalt der Vorlesung (90 Minuten) [80% der Gesamtnote]; Seminarvortrag (ca. 15 Minuten) und Protokoll (max. 10 Seiten) [20% der Gesamtnote]</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme an Seminar und Praktikum, testiertes Praktikumsprotokoll		
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse in Zellbiologie, Biochemie und Genetik eukaryotischer Mikroorganismen und in molekularbiologischen, genetischen, zellbiologischen und biochemischen Methoden für eukaryotische Mikroorganismen. Detaillierte Analyse von Experimenten und deren Darstellung. Fähigkeit, wissenschaftliche Publikationen reflektierend zu präsentieren.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit Schlüsselkompetenzmodul M.Bio.142 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Watson, Molecular Biology of the Gene, Pearson, 7th Edition;</li> <li>• Alberts, Molecular Biology of the Cell, Garland, 5th Edition</li> </ul>	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Gerhard Braus	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 24		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.105: Angewandte Bioinformatik in den Molekularen Biowissenschaften</b> <i>English title: Applied bioinformatics in molecular biosciences</i>		12 C 14 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden setzen sich mit Programmen und Datenbanken zur datengetriebenen Omics-basierten Forschung auseinander, die es ermöglichen, wichtige Fragestellungen der modernen Biologie zu bearbeiten. Besondere inhaltliche Schwerpunkte sind: <ul style="list-style-type: none"> <li>• Die Anwendung der Bioinformatik in der molekularen Phylogenie, Evolution, Genomdynamik und (Meta)Omics</li> <li>• Bioinformatische Analysen von RNAs und Proteinen</li> <li>• Motiverkennung und Genidentifizierung</li> <li>• Erstellung und Bearbeitung von Stoffwechselmodellen und -netzwerken</li> </ul> Im Mittelpunkt steht die Analyse, Visualisierung und Integration der großen Datenmengen, die Omics- Technologien (z.B. Genomik, Transkriptomik, Proteomik, und Metabolomik) generieren und die Grundlagen für ein systembiologisches Verständnis von Organismen und Gemeinschaften bilden.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 196 Stunden Selbststudium: 164 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Angewandte Bioinformatik in den molekularen Biowissenschaften (Praktikum)</b>		10 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Angewandte Bioinformatik in den molekularen Biowissenschaften (Vorlesung)</b>		3 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Angewandte Bioinformatik (Seminar)</b>		1 SWS
<b>Prüfung: Präsentation (ca. 30 Minuten) zu Methoden und Ergebnissen des Praktikums [80% der Gesamtnote] und Seminarvortrag (ca. 15 Minuten) [20% der Gesamtnote]</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme, testiertes Protokoll oder Manuskript <b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse in Anwendungen bioinformatischer Methoden mit Schwerpunkten in (Meta)Omics basierten Analysen, Motiverkennung und Modellierung von Stoffwechsellösungen. Fähigkeit, wissenschaftliche Publikationen reflektierend zu präsentieren.		12 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Linux-Kenntnisse, B.Bio-NF117 oder vergleichbares	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Python und R-Kenntnisse	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Rolf Daniel	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> 1	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	

<b>Maximale Studierendenzahl:</b>	
-----------------------------------	--

12	
----	--

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.106: Strukturbiochemie</b> <i>English title: Structural biochemistry</i>		12 C 14 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Methoden der Strukturbiochemie, Struktur und Funktion von biologischen Makromolekülen. Struktur und Faltung von Proteinen, Struktur-Funktionsbeziehungen, Protein-Protein- und Protein-Nukleinsäure-Komplexe, Struktur-basiertes Wirkstoff-Design, Prinzipien molekularer Erkennung. Umgang mit „state of the art“ Geräten, kritisches Auseinandersetzen mit aktuellen Themen der Biochemie, detaillierte Analyse von Experimenten und deren Darstellung. Selbstständiges Aneignen von Fachwissen aus Publikationen.	<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 196 Stunden Selbststudium: 164 Stunden	
<b>Lehrveranstaltung: Strukturbiochemie (Vorlesung)</b>	3 SWS	
<b>Prüfung: Klausur zum Inhalt der Vorlesung (90 Minuten) [80% der Gesamtnote]; Seminarvortrag (ca. 15 Minuten) und Protokoll (max. 20 Seiten) [20% der Gesamtnote]</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme an Seminar und Praktikum, testiertes Praktikumsprotokoll	12 C	
<b>Lehrveranstaltung: Strukturbiochemie (Seminar)</b>	1 SWS	
<b>Lehrveranstaltung: Strukturbiologie (Laborpraktikum)</b> <i>Inhalte:</i> Präparation rekombinanter Proteine mittels Affinitäts-, Ionenaustauscher und Gelfiltrations-Chromatografie sowie Ultrazentrifugation, Charakterisierung rekombinanter Proteine und makromolekularer Komplexe (Gelelektrophorese, spektroskopische Methoden), biochemische Analyse von Protein-RNA Komplexen, Kristallisation von Proteinen. Strukturaufklärung biologischer Makromoleküle mittels Röntgenkristallografie und Cryo-Elektronen-mikroskopie. Studien zur Dynamik und Funktion makromolekularer Maschinen.	10 SWS	
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse von strukturbiochemischen Grundlagen. Kenntnisse über biochemische und analytische Methoden zur Untersuchung von Proteinen und makromolekularen Komplexen. Kenntnisse über ausgewählte Proteine und Proteinkomplexe. Kenntnisse über Grundlagen der Strukturbestimmung und strukturellen Eigenschaften von Proteinen und Nukleinsäuren.  Detaillierte Analyse von Experimenten und deren Darstellung. Fähigkeit, wissenschaftliche Publikationen reflektierend zu präsentieren.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit den Schlüsselkompetenzmodulen M.Bio.156 und M.Bio.166 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b>	<b>Modulverantwortliche[r]:</b>	



---

Englisch	Prof. Dr. Ralf Ficner
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 1
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 20	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.107: Biochemie und Biophysik</b> <i>English title: Biochemistry and biophysics</i>		12 C 14 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Molekulare Biochemie und Biophysik verschiedener Biomolekülklassen, Funktion des pflanzlichen Primär- und Sekundärstoffwechsels, Lipidstoffwechsel, Lipide als Signalmoleküle sowie sekundäre Metabolite und biotechnologische Nutzung und Änderung von Speicherstoffen, Enzyme des Lipidstoffwechsels, moderne biophysikalische Methoden zur Analyse von Biomolekülen.  Umgang mit „state of the art“ Geräten, kritisches Auseinandersetzen mit aktuellen Themen der Biochemie, detaillierte Analyse von Experimenten und deren Darstellung. Selbstständiges Aneignen von Fachwissen aus Publikationen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 196 Stunden Selbststudium: 164 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Biochemie und Biophysik (Vorlesung)</b>		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur zum Inhalt der Vorlesung (90 Minuten) [80% der Gesamtnote] und Protokoll (max. 20 Seiten) [20% der Gesamtnote]</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme am Praktikum und testiertes Protokoll		12 C
<b>Lehrveranstaltung: Biochemie und Biophysik (Tutorium)</b>		1 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Methodenkurs: Biochemie und Biophysik (Laborpraktikum)</b> <i>Inhalte:</i> Biochemische Analyse von Sekundärmetaboliten, Lipiden, Proteinen und Nukleinsäuren mit Hilfe von photometrischen Tests, Elektrophorese, Dünnschichtchromatografie sowie mit vollautomatischen Analysegeräten (HPLC/GC/GCMS). Spektroskopie an Biomolekülen (Fluoreszenz, FT-IR, CD, UV/Vis), moderne mikroskopische Verfahren (optische Mikroskopie, Rastersondenverfahren), Funktionsanalysen verschiedener Klassen von Membranproteinen.		10 SWS
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse über biochemische Grundlagen verschiedener Biomolekülklassen und deren Metabolismus; Kenntnisse in Molekülspektroskopie sowie Einblicke in biotechnologische Verfahren unter Verwendung von Pflanzen; Detaillierte Analyse von Experimenten und deren Darstellung		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit M.Bio.157 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Ivo Feußner	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b>	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	

---

zweimalig	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 48	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		3 C
<b>Module M.Bio.141: General and applied microbiology</b>		3 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> Evolution und phylogenetisches System, Morphologie und Zellbiologie, Lebensgemeinschaften und symbiontische Beziehungen der Bakterien und Archaeen; Genexpression und molekulare Kontrolle (Transkription, Translation); Posttranslationale Kontrolle, Proteinstabilität und Proteomics; Genetische Netzwerke; Molekulare Schalter und Signaltransduktion; mikrobielle Entwicklungsbiologie; Pathogenitätsmechanismen der wichtigsten Krankheitserreger; Entwicklung neuer antimikrobieller Wirkstoffe; die Vielfalt des Stoffwechsels in Bakterien und Archaeen als Grundlage für biotechnologische Anwendungen; industrielle Mikrobiologie.		<b>Workload:</b> Attendance time: 42 h Self-study time: 48 h
<b>Course: Vorlesung: Allgemeine und Angewandte Mikrobiologie (Lecture)</b>		3 WLH
<b>Examination: Written examination (90 minutes)</b>		3 C
<b>Examination requirements:</b> Kenntnisse in Zellbiologie, Biochemie und Genetik prokaryotischer Mikroorganismen		
<b>Admission requirements:</b> Kann nicht in Kombination mit Fachmodul M.Bio.101 belegt werden	<b>Recommended previous knowledge:</b> none	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Jörg Stülke	
<b>Course frequency:</b> each winter semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b>	
<b>Maximum number of students:</b> 10		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		3 C 3 SWS
<b>Modul M.Bio.142: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> <i>English title: Molecular genetics and microbial cell biology</i>		
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Vertiefte Kenntnisse der Molekularen Genetik und mikrobielle Zellbiologie an Fallbeispielen von Modellsystemen der molekularen Mykologie (Hefen und filamentöse Pilze). Einarbeitung in ein Thema bis auf die ‚Review‘-Ebene.	<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 48 Stunden	
<b>Lehrveranstaltung: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> (Vorlesung)		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b>		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse in Zellbiologie, Biochemie und Genetik eukaryotischer Mikroorganismen		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit Fachmodul M.Bio.102 oder SK-Modul M.Bio172 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Watson, Molecular Biology of the Gene, Pearson, 7th Edition;</li> <li>• Alberts, Molecular Biology of the Cell, Garland, 5th Edition</li> </ul>	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Gerhard Braus	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.144: Zell- und Molekularbiologie von Pflanzen-Mikroben-Interaktionen</b> <i>English title: Cellular and molecular biology of plant-microbe interactions</i>		3 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Einführung in die Theorie und Methoden der Analyse von Pflanzen-Mikroben-Interaktionen auf zellbiologischer und molekularer Ebene.	<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 48 Stunden	
<b>Lehrveranstaltung: Vorlesung: Pflanzen-Mikroben-Interaktionen (Vorlesung)</b>		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur (54 Minuten)</b>		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnis der grundlegenden Konzepte der Pflanzen-Mikroben-Interaktion, Fähigkeit, Ergebnisse aktueller Publikationen auf dem Gebiet der Pflanzen-Mikroben-Interaktion zu verstehen, zu präsentieren und kritisch zu diskutieren.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit Fachmodul M.Bio.104 belegt werden	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Christiane Gatz Prof. Dr. Volker Lipka	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.156: Strukturbiochemie - Schlüsselkompetenzmodul</b> <i>English title: Structural biochemistry</i>		3 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Methoden der Strukturbiologie, Struktur und Funktion von biologischen Makromolekülen. Struktur und Faltung von Proteinen, Struktur-Funktionsbeziehungen, Protein-Protein- und Protein-Nukleinsäure-Komplexe, Struktur-basiertes Wirkstoff-Design.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 48 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Strukturbiochemie</b> (Vorlesung)		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b>		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse von biochemischen und strukturbiochemischen Grundlagen		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit dem Fachmodul M.Bio.106 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Ralf Ficner	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.157: Biochemie und Biophysik - Schlüsselkompetenzmodul</b> <i>English title: Biochemistry and biophysics</i>		3 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Molekulare Biochemie und Biophysik verschiedener Biomolekülklassen, Funktion des pflanzlichen Primär- und Sekundärstoffwechsels, Lipidstoffwechsel, Lipide als Signalmoleküle sowie sekundäre Metabolite und biotechnologische Nutzung und Änderung von Speicherstoffen, Enzyme des Lipidstoffwechsels, moderne biophysikalische Methoden zur Analyse von Biomolekülen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 48 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Biochemie und Biophysik (Vorlesung)</b>		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b>		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Kenntnisse über biochemische Grundlagen verschiedener Biomolekülklassen und deren Metabolismus</li> <li>• Kenntnisse in Molekülspektroskopie sowie Einblicke in biotechnologische Verfahren unter Verwendung von Pflanzen.</li> </ul>		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit dem Fachmodul M.Bio.107 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Ivo Feußner	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 2	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10		



<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.158: Enzymkatalyse und biologische Chemie - Schlüsselkompetenzmodul</b> <i>English title: Enzyme catalysis and biological chemistry</i>		3 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Katalysemeechanismen von Enzymen, Mechanismen makromolekularer Komplexe (Ribosom), Biokatalyse, Kinetik und Thermodynamik biochemischer Reaktionen, chemische Modellsysteme von Enzymen, Biooligomersynthese, Ligandsynthese, Ligationstechniken, Array-Technologien  Aneignung von fundierten Kenntnissen zu aktuellen enzymologischen und bio(an)organischen Fragestellungen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 48 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Enzymkatalyse und biologische Chemie</b> (Vorlesung)		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b>		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse von Enzymmechanismen sowie der kinetischen und thermodynamischen Analyse biochemischer Reaktionen, Kenntnisse der Synthese von Biooligomeren und von Liganden		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit dem Fachmodul M.Bio.108 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Kai Tittmann	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.172: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> <i>English title: Molecular genetics and microbial cell biology</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Vertiefte Kenntnisse der Molekularen Genetik und mikrobiellen Zellbiologie an Fallbeispielen von Modellsystemen der molekularen Mykologie (Hefen und filamentöse Pilze). Einarbeitung in ein Thema bis auf die "Review"-Ebene.	<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden	
<b>Lehrveranstaltung: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> (Vorlesung)	3 SWS	
<b>Prüfung: Klausur zum Inhalt der Vorlesung (90 Minuten) [80% der Gesamtnote]; Seminarvortrag (ca. 15 Minuten) [20% der Gesamtnote]</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme an Seminar	6 C	
<b>Lehrveranstaltung: Molekulare Genetik und mikrobielle Zellbiologie</b> (Seminar)	1 SWS	
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse in Zellbiologie, Biochemie und Genetik eukaryotischer Mikroorganismen und in molekularbiologischen, genetischen, zellbiologischen und biochemischen Methoden für eukaryotische Mikroorganismen. Fähigkeit, wissenschaftliche Publikationen reflektierend zu präsentieren.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit Fachmodule M.Bio.102 oder Schlüsselkompetenzmodul M.Bio.142 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Watson, Molecular Biology of the Gene, Pearson, 7th Edition;</li> <li>• Alberts, Molecular Biology of the Cell, Garland, 5th Edition</li> </ul>	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Gerhard Braus	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 6		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.176: Strukturbiochemie</b> <i>English title: Structural biochemistry</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Methoden der Strukturbiochemie, Struktur und Funktion von biologischen Makromolekülen, Struktur und Faltung von Proteinen, Struktur-Funktionsbeziehungen, Protein-Protein- und Protein-Nukleinsäure-Komplexe, Struktur-basiertes Wirkstoff-Design, Prinzipien molekularer Erkennung.  Kritisches Auseinandersetzen mit aktuellen Themen der Biochemie. Selbstständiges Aneignen von Fachwissen aus Publikationen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Strukturbiochemie (Vorlesung)</b>		3 SWS
<b>Prüfung: Klausur zum Inhalt der Vorlesung (90 Minuten) [80% der Gesamtnote]; Seminarvortrag (ca. 15 Minuten) [20% der Gesamtnote]</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme am Seminar		6 C
<b>Lehrveranstaltung: Strukturbiochemie (Seminar)</b>		1 SWS
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse von strukturbiochemischen Grundlagen. Kenntnisse über biochemische und analytische Methoden zur Untersuchung von Proteinen und makromolekularen Komplexen. Kenntnisse über ausgewählte Proteine und Proteinkomplexe. Kenntnisse über Grundlagen der Strukturbestimmung und strukturellen Eigenschaften von Proteinen und Nukleinsäuren.  Fähigkeit, wissenschaftliche Publikationen reflektierend zu präsentieren.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit M.Bio.106 oder M.Bio.156 belegt werden.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Ralf Ficner Dr. Achim Dickmanns	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 5		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		12 C 14 SWS
<b>Modul M.Bio.310: Systembiologie</b> <i>English title: Systems biology</i>		
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Das Modul beschäftigt sich mit der formalen Beschreibung, Modellierung, Analyse und Simulation komplexer Wechselwirkungen zwischen den Komponenten (Moleküle, Zellen, Organe) lebender Systeme auf verschiedenen Abstraktionsebenen.  Den Studierenden werden biomolekulare Netzwerke wie metabolische, Signaltransduktions- und genregulatorische Netzwerke vorgestellt. Es werden verschiedene graphen-basierte Abstraktionsmöglichkeiten biomolekularer Interaktionsnetzwerke demonstriert (Entity-Interaction-Graph, Bool'sche Netze, Petri-Netze). Die Studierenden werden in die Grundlagen der Graphentheorie (bis hin zu Pfadanalyse, Clusterkoeffizient, Zentralität etc.) eingeführt und es werden entsprechende Anwendungen auf biomolekulare Netzwerke eingeübt. Den Studierenden werden verschiedene experimentelle Hochdurchsatz-Methoden vorgestellt und deren Anwendung auf biomolekulare Netzwerke aufgezeigt. An ausgewählten Beispielen wird die Simulation molekularer Netzwerke gezeigt.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 147 Stunden Selbststudium: 213 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Bioinformatik der Systembiologie</b> (Vorlesung)		2 SWS
<b>Prüfung: Mündlich (ca. 30 Minuten)</b>		6 C
<b>Lehrveranstaltung: Bioinformatik der Systembiologie</b> (Übung)		2 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Bioinformatik der Systembiologie</b> (Seminar)		1 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Praktikum: Bioinformatik der Systembiologie</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 3-wöchiges Blockpraktikum: Modellierung und Analyse biologischer Systeme</li> </ul>		9 SWS
<b>Prüfung: Protokoll (max. 10 Seiten)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> Seminarvortrag (ca. 30 min), regelmäßige Teilnahme an Übung, Seminar und Praktikum		6 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Studierende sollten in der Lage sein, biomolekulare Netzwerke zu modellieren, zu analysieren und zu simulieren. Dies erfolgt unter Einbeziehung der Netzwerke Entity-Interaction-Graph, Bool'sche Netze und Petri-Netze. Sie erhalten Kenntnisse in der Graphentheorie und sind in der Lage die erlernten Kenntnisse auf Hochdurchsatzdaten bis hin zur Simulation anzuwenden.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Kann nicht in Kombination mit Schlüsselkompetenzmodul M.Bio.340 belegt werden	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Tim Beißbarth	
<b>Angebotshäufigkeit:</b>	<b>Dauer:</b>	

---

jedes Sommersemester; verschieden; siehe Lehrveranstaltungen	1 Semester
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.323: Einführung in die Bayes'sche Inferenz und Informationstheorie</b> <i>English title: Introduction to Bayesian Statistics and Information Theory</i>		12 C 12 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden gewinnen einen Überblick über die wichtigsten Konzepte und Anwendungen der Bayes'schen Statistik, insbesondere den Bayes'schen Wahrscheinlichkeitsbegriff, Parameterschätzung und das bayesianische Äquivalent zum Konfidenzintervall (Bayesian credible intervals), die Bedeutung und Wahl von a-priori-Wahrscheinlichkeiten basierend auf Vorwissen, sowie Hypothesentests, Modelltests und Markov-Chain-Monte-Carlo-Methoden. Alle Konzepte werden sowohl in Vorlesungen als auch in praktischen Übungsaufgaben am Computer erarbeitet. Das Modul schließt mit einem Ausblick auf die Informationstheorie.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 195 Stunden Selbststudium: 165 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Introduction to Bayesian Inference and Information Theory</b> (Vorlesung)		3 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Classical problems in Bayesian Interference</b> (Seminar)		1 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Programmierkurs</b>		8 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Minuten)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme, Seminarvortrag		12 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Die Studierenden weisen nach, dass sie solide Kenntnisse der Grundlagen des Bayes'schen Wahrscheinlichkeitsbegriffs und der Bayes'schen Statistik aufweisen und einfache klassische Fragestellungen lösen können.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Erfahrung mit mindestens einer Programmiersprache, elementare Computerkenntnisse	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Grundlagen der Wahrscheinlichkeitsrechnung	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Michael Wibral	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester	<b>Dauer:</b>	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.340: Bioinformatik der Systembiologie</b> <b>(Schlüsselkompetenzmodul)</b> <i>English title: Systems biology</i>		3 C 2 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Das Modul beschäftigt sich mit der formalen Beschreibung, Modellierung, Analyse und Simulation komplexer Wechselwirkungen zwischen den Komponenten (Moleküle, Zellen, Organe) lebender Systeme auf verschiedenen Abstraktionsebenen.  Den Studierenden werden biomolekulare Netzwerke wie metabolische, Signaltransduktions- und genregulatorische Netzwerke vorgestellt. Es werden verschiedene graphen-basierte Abstraktionsmöglichkeiten biomolekularer Interaktionsnetzwerke demonstriert (Entity-Interaction-Graph, Bool'sche Netze, Petri-Netze). Die Studierenden werden in die Grundlagen der Graphentheorie (bis hin zu Pfadanalyse, Clusterkoeffizient, Zentralität etc.) eingeführt. Verschiedene experimentelle Hochdurchsatz-Methoden werden vorgestellt und deren Anwendung auf biomolekulare Netzwerke aufgezeigt.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 42 Stunden Selbststudium: 48 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Vorlesung: Bioinformatik der Systembiologie</b> (Vorlesung)		2 SWS
<b>Prüfung: Mündlich (ca. 30 Minuten)</b>		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Studierende sollten in der Lage sein, biomolekulare Netzwerke zu modellieren, zu analysieren und zu simulieren. Dies erfolgt unter Einbeziehung der Netzwerke Entity-Interaction-Graph, Bool'sche Netze und Petri-Netze. Sie sind in der Lage Kenntnisse in der Graphentheorie anzuwenden.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Tim Beißbarth	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 10		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Bio.372: Matlab in Biopsychology and Neuroscience</b> <i>English title: Matlab in neuroscience</i>		3 C 2 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Der Kurs stellt eine allgemeine Einführung in die Grundlagen von Matlab dar, mit einem Focus auf psychophysische und neurowissenschaftliche Anwendungen. Es werden das Wissen und die praktischen Fähigkeiten vermittelt um existierenden Matlab Code zu lesen und selbstständig Matlab Programme zu entwickeln. Der Kurs besteht aus 2 Teilen, eine theoretisch orientierte Vorlesung und ein praktisches Tutorium in dem die wöchentlichen Übungen besprochen werden (je 2h/Woche).		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 28 Stunden Selbststudium: 62 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Matlab: Grundlagen</b> (Vorlesung)		1 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Matlab: Vertiefung</b> (Tutorium)		1 SWS
<b>Prüfung: Klausur (60 Minuten)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> regelmäßige Teilnahme am Tutorium sowie Erarbeitung der Übungsaufgaben		3 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Die Studierenden erbringen den Nachweis, dass sie Matlab Code lesen sowie selbst programmieren können.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Voraussetzung ist die vorherige Teilnahme an der Vorlesung Biologische Psychologie II/Kognitive Neurowissenschaften oder einer äquivalenten Veranstaltung.	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Alexander Gail	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester; erste Semesterhälfte	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 20		
<b>Bemerkungen:</b> Die Veranstaltung ist geeignet für hoch motivierte Bachelor- und Master-Studierende der Psychologie, Biologie und Physik, die überdurchschnittliches Forschungsinteresse haben.		



<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Biodiv.425: Evolution der Embryophyta</b> <i>English title: Evolution of embryophyta</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden werden durch Studium, Präsentation und Diskussion aktueller Fallstudien zu Speziation, Evolutionsgeschichte, chromosomale und genomische Evolution, Reproduktionsbiologie, Merkmalsevolution und Koevolution mit dem Forschungsstand im Bereich der organismischen Evolution von Embryophyten vertraut gemacht. Sie erhalten einen Überblick über neue theoretische und methodische Forschungsansätze zum Verständnis der Pflanzenevolution. Sie erwerben die Fähigkeit zur Entwicklung evolutionsbiologischer Hypothesen und können geeignete Modellsysteme und Methoden zur Hypothesenüberprüfung wählen. Die Studierenden erlangen praktische Fähigkeiten in der Präsentation, Interpretation und Diskussion von Ergebnissen (in wissenschaftlichem Englisch). Sie können evolutionäre Prozesse, Hypothesen und Methoden beschreiben und verstehen und Beispiele für Fallstudien zu Landpflanzen geben. Sie sind in der Lage Vorträge in englischer Sprache zu halten und wissenschaftliche Ergebnisse auf Englisch zu diskutieren.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Artbildung und Evolution von Landpflanzen (Vorlesung)</b> <i>Angebotshäufigkeit: jedes Wintersemester</i>		2 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Pflanzensystematik und Phykologie (Seminar)</b> <i>Angebotshäufigkeit: jedes Semester</i>		2 SWS
<b>Prüfung: Mündlich zum Stoff der Vorlesung (ca. 15 Minuten)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> Seminarvortrag (ca. 45 min) <b>Prüfungsanforderungen:</b> In der mündlichen Prüfung zeigen die Studierenden ihre Fähigkeiten zum Verständnis und in der Diskussion evolutionärer Prozesse und Hypothesen sowie ihr Wissen über Fallstudien zu Landpflanzen. Im Seminar sollen sie in wissenschaftlichem Englisch Vorträge halten und ihre eigenen Forschungsergebnisse - bevorzugt die der Masterarbeit – präsentieren.		6 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> keine	
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Elvira Hörandl	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> V: jedes Wintersemester, S: jedes Semester	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 30		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		6 C
<b>Module M.Biodiv.446: Molecular zoology and insect-biotechnology</b>		8 WLH
<p><b>Learning outcome, core skills:</b></p> <p>The module is aimed at students who want to gain in-depth knowledge of molecular genetic work in theory and practice. Relevant methods and experimental planning are taught theoretically and practically. Selected topics of molecular zoology are treated in depth in lectures and on the basis of current publications. Current developments of molecular methods in pest control and insect biotechnology will be covered.</p> <p>Learning objectives:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Application, experimental strategies and evaluation of different molecular biological methods.</li> <li>• Gene function analysis in zoology: how to identify relevant genes and how to study their function in model and non-model organisms? (including genetic screens, reverse genetics (RNAi), genome editing (CRISPR/Cas9), transgenesis)</li> <li>• Knowledge of databases of DNA, protein and gene function</li> <li>• Identification of orthologous genes in different species</li> <li>• Establishment of new molecular genetic model systems for zoological questions</li> <li>• Advanced discussion of current research topics in molecular zoology</li> <li>• Advanced discussion of recent approaches in insect biotechnology using molecular genetic methods (including pest control).</li> </ul> <p>Students should be able to:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• design experimental strategies for the identification and analysis of gene function in non-model organisms</li> <li>• design the establishment of new molecular genetic model systems</li> <li>• be able to present and assess scientific questions on selected topics of molecular zoology.</li> </ul>		<p><b>Workload:</b></p> <p>Attendance time: 112 h</p> <p>Self-study time: 68 h</p>
<p><b>Course: Gene function analysis in diverse animals and applications in pest control (Lecture)</b></p> <p><i>Contents:</i></p> <p>molecular genetic methods; gene function analysis; selected topics from molecular zoology; most recent developments in insect biotechnology</p>		2 WLH
<p><b>Course: Designing experiments to study gene function (Seminar)</b></p>		2 WLH
<p><b>Course: Introduction to molecular work and methods for gene function studies (Exercise)</b></p>		4 WLH
<p><b>Examination: Oral Presentation (approx. 15 minutes)</b></p>		6 C
<p><b>Examination requirements:</b></p> <p>The students should be able to apply the contents and methods listed as “core skills” to new questions.</p>		
<p><b>Admission requirements:</b></p> <p>none</p>	<p><b>Recommended previous knowledge:</b></p> <p>none</p>	

---

<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Gregor Bucher
<b>Course frequency:</b> each summer semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b>
<b>Maximum number of students:</b> 8	
<b>Additional notes and regulations:</b> The modules B.Biodiv.370 and M.Biodiv.446 are mutually exclusive.	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		6 C
<b>Module M.Biodiv.479: Introduction to phylogenomics</b>		6 WLH
<p><b>Learning outcome, core skills:</b></p> <p>The research field of phylogenomics comprises the utilization of genome and transcriptome data for the inference of phylogenetic trees. In this modul students will be introduced to the theoretical and practical knowledge of how to assemble genomes and transcriptomes and their annotation. Moreover, techniques to search for genes in such data will be presented (e.g., BLAST, hidden markov models). Additionally, the students will work with different alignment- and read mapping methods. Based on the assembled datasets different tree reconstruction methods will be conducted (Neighbor Joining, Maximum Parsimony, Maximum Likelihood, Bayesian Inference) and critically discussed. Within an accompanying seminar actual studies in the field of evolutionary genomics are presented and discussed.</p> <p>Students get an introduction into the Linux environment and the installation of all programs will be done independently. The command line will be mainly used for all analyses. Students will learn to perform genome-scale analyses for the reconstruction of phylogenetic trees. Within a seminar students will present recently published genomic studies in English language. In the last week, datasets will be analysed independently and results will be summarized as poster, which will be presented within a short talk.</p>		<p><b>Workload:</b></p> <p>Attendance time: 84 h</p> <p>Self-study time: 96 h</p>
<b>Course: Introduction to phylogenomics (Lecture)</b>		1 WLH
<p><b>Course: Introduction to phylogenomics (Seminar)</b></p> <p>This course is open for students of the double degree programme at the partner universities. The sessions of this course might be conducted in a remote format like online video conference.</p>		1 WLH
<b>Course: Introduction to phylogenomics (Exercise)</b>		4 WLH
<p><b>Examination: Oral Presentation (approx. 15 minutes)</b></p> <p><b>Examination prerequisites:</b></p> <p>Short talk (ca. 12-15 minutes)</p>		6 C
<p><b>Examination requirements:</b></p> <p>Knowledge of how to reconstruct phylogenetic trees using genomic and transcriptomics data. Critical discussion of phylogenetic analyses and overview of actual controversies.</p>		
<b>Admission requirements:</b>	<b>Recommended previous knowledge:</b>	
none	none	
<b>Language:</b>	<b>Person responsible for module:</b>	
English	Prof. Dr. Christoph Bleidorn	
<b>Course frequency:</b>	<b>Duration:</b>	
each winter semester	1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b>	<b>Recommended semester:</b>	
twice	1	
<b>Maximum number of students:</b>		

---

12	
----	--

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Biodiv.491: "Next Generation Sequencing" in der Evolutionsbiologie</b> <i>English title: Next generation sequencing for evolutionary biology</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden erlangen Wissen über die verschiedenen Systeme und Methoden des „Next Generation Sequencing“. Der Fokus des Moduls richtet sich auf das sich schnell entwickelnde Feld der Bioinformatik und Datenanalyse. Labormethoden werden erklärt und diskutiert. Die Studierenden erlernen die verschiedenen Anwendungsmöglichkeiten von „Next Generation Sequencing“ -Daten im evolutionsbiologischen Feld der Tiere und Pflanzen, z.B. biologische Diversität, Merkmalsevolution, Adaptation, Phylogeographie, Populationsgenetik, Hybridisierung, Genotypisierung und QTL (Quantitative Trait Locus)-Analysen. Sie erlangen einen Überblick über die Theorie und gewinnen praktische Erfahrung in diesem neuen Forschungsfeld. Sie erwerben die Kompetenz für evolutionäre Fragestellungen die geeigneten Methoden zu wählen und Hypothesen an Nicht-Modell-Organismen zu testen.  Die Studierenden sind in der Lage die Unterschiede und Vor- und Nachteile zwischen verschiedenen „Next Generation Sequencing“-Methoden zu benennen und geeignete Methoden zu wählen, um bestimmte evolutionäre Fragestellungen an Nicht-Modell-Organismen zu untersuchen. Sie sind in der Lage, die Rohdaten des „Next Generation Sequencing“ zu vergleichen und zu analysieren und Gene eines abgeglichenen Genoms oder Transkriptoms zu notieren.  Sie sollen Fallstudien im Bereich des „Next Generation Sequencing“ während des Seminars in wissenschaftlichem Englisch präsentieren und diskutieren.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: M.Biodiv.491-2 "Next Generation Sequencing": Beispiele botanischer und zoologischer Studien (Seminar)</b>		0,5 SWS
<b>Lehrveranstaltung: M.Biodiv.491-3 Analyse von "Next Generation Sequencing"-Daten (Übung)</b>		3 SWS
<b>Lehrveranstaltung: M.Biodiv.491-1 "Next Generation Sequencing": Methoden, Datenanalyse und Anwendung (Vorlesung)</b>		0,5 SWS
<b>Prüfung: Protokoll (max. 12 Seiten)</b> <b>Prüfungsvorleistungen:</b> Vortrag (max. 20 min.) <b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse der verschiedenen Anwendungen des "Next Generation Sequencing" im Feld der Evolutionsbiologie von Pflanzen und Tieren. Überblick über die Theorie als auch praktische Erfahrung in diesem neuen Forschungsfeld.		6 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Vorlesung: M.Biodiv.425; Grundkenntnisse von Programmen zur Contig-Assemblierung und zum	

---

	multiplen Sequenzabgleich (z.B. Geneious) sind vorteilhaft
<b>Sprache:</b> Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. Marc Appelhans
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Sommersemester	<b>Dauer:</b> 1 Semester
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 12	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		6 C 8 WLH
<b>Module M.Biodiv.600: Introduction to phylogenetics</b>		
<p><b>Learning outcome, core skills:</b> The aim of phylogenetic systematics is to reconstruct evolutionary relationships of living things. A broad array of methods gives the opportunity to use molecular and morphological data to infer how life has diversified and changed over time. . In this modul students will be introduced to the theoretical and practical background of phylogenetics. The course includes an introduction to the description and delimitation of species, DNA barcoding, homology hypotheses, phylogenetic characters and character coding. Additionally, actual computational methods for the reconstruction of phylogenetic trees using molecular and morphological characters will be presented. Based on phylogenetic trees ancestral characters states and/or biogeographical patterns will be inferred.</p> <p>Based on the introduced methods the students will work independently on projects of exemplar datasets (e.g., diverse groups of insects or annelids, but maybe also from other animal groups). Within a seminar students will present recently published studies in the field of phylogenetic systematics in English language. In the last week, the student will present the results of the datasets they analysed in the form of a poster, which will be accompanied with a short talk.</p>		<p><b>Workload:</b> Attendance time: 112 h Self-study time: 68 h</p>
<b>Course: Introduction to phylogenetics (Lecture)</b>		1 WLH
<b>Course: Introduction to phylogenetics (Seminar)</b>		1 WLH
<b>Course: Introduction to phylogenetics (Exercise)</b>		6 WLH
<p><b>Examination: Oral Presentation (approx. 15 minutes)</b> <b>Examination prerequisites:</b> Talk (ca. 12-15 minutes)</p>		6 C
<p><b>Examination requirements:</b> Basics of phylogenetic systematics, knowledge of how to reconstruct phylogenetic trees using computational methods. Interpretation of phylogenetic trees.</p>		
<p><b>Admission requirements:</b> none</p>	<p><b>Recommended previous knowledge:</b> none</p>	
<p><b>Language:</b> English</p>	<p><b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Christoph Bleidorn Dr. Maria Teresa Aguado Molina</p>	
<p><b>Course frequency:</b> each summer semester</p>	<p><b>Duration:</b> 1 semester[s]</p>	
<p><b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice</p>	<p><b>Recommended semester:</b> 1</p>	
<p><b>Maximum number of students:</b> 12</p>		



<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		8 C 7 WLH
<b>Module M.CoBi.501: Bioinformatics and its areas of application</b>		
<p><b>Learning outcome, core skills:</b> The students will acquire knowledge on a diverse range of topics - both applied as well as purely bioinformatical. For this, there will be research-oriented lectures.</p> <p>On the applied side, these topics prominently feature - but are not limited to - the different types of "omics"-approaches available to answer biological questions (genomics, transcriptomics, phylogenomics, metabolomics, proteomics, CHIP-Seq, comparative genomics, phenomics etc). They will learn about feasibility and different approaches to data analysis. Furthermore, students will learn about the digitization of the biological sciences, featuring aspects such as machine readable phenotypic annotation of morphology, phenotypic database, biological image analysis and more.</p> <p>Finally, the students will acquire knowledge on algorithmic and statistical aspects of bioinformatics, featuring the latest developments and challenges in the development of new bioinformatic tools for life sciences.</p>		<p><b>Workload:</b> Attendance time: 98 h Self-study time: 142 h</p>
<p><b>Course: Bioinformatics and its areas of application (Lecture)</b> <i>Contents:</i> This course provides an appetizer of the various applications and uses of bioinformatics - especially those represented by research on Göttingen Campus.</p>		3 WLH
<p><b>Course: IMPRS Genome Science (Lecture)</b></p>		2 WLH
<p><b>Course: Industry excursion (Excursion)</b> <i>Contents:</i> excursion to companies that make use of bioinformatics/computational biology (and hire bioinformaticians and computational biologists)</p>		2 WLH
<p><b>Examination: Term Paper (max. 10 pages), not graded</b> <b>Examination requirements:</b> Students show that they gained an overview of the diversity of areas of application for algorithmic and applied bioinformatics - including tools for computational biology to solve biological questions - as well as in depth knowledge on a topic of choice for the essay.</p>		8 C
<p><b>Admission requirements:</b> none</p>	<p><b>Recommended previous knowledge:</b> none</p>	
<p><b>Language:</b> English</p>	<p><b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Jan de Vries</p>	
<p><b>Course frequency:</b> each winter semester</p>	<p><b>Duration:</b> 1 semester[s]</p>	
<p><b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice</p>	<p><b>Recommended semester:</b> 1</p>	
<p><b>Maximum number of students:</b> 30</p>		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		10 C 6 WLH
<b>Module M.CoBi.502: Biology for (bio)informaticians</b>		
<b>Learning outcome, core skills:</b> This course aims to teach the principles of biology required for aspiring bioinformaticians and computational biologists. The students will learn about the basics of the building blocks of life. An introduction to molecular biology will cover aspects of cell biology, developmental biology, principles of genetics and genome biology, microbiology, protein biology and enzymology, and biochemistry as well as metabolism. Furthermore, they will get a glimpse into biodiversity through an introduction organismal diversity across uni- and multicellular life. This will be contextualized by a basic (molecular) evolutionary biological framework. Finally, students will get a glimpse into how wet laboratory work is carried out.		<b>Workload:</b> Attendance time: 84 h Self-study time: 216 h
<b>Course: Biology for (bio)informaticians (Lecture)</b>		4 WLH
<b>Examination: Written examination (90 minutes)</b> <b>Examination prerequisites:</b> protocol		10 C
<b>Course: Biology for (bio)informaticians (Tutorial)</b>		2 WLH
<b>Course: Methods in biochemistry and microbiology (Internship)</b>		2 WLH
<b>Examination requirements:</b> knowledge of the basics in molecular biology (cell biology, microbiology, genetics, neurobiology, developmental biology, biochemistry) as well as biodiversity (microorganisms, plants, fungi, animals)		
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> none	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Kai Heimel	
<b>Course frequency:</b> each winter semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 1	
<b>Maximum number of students:</b> 20		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		12 C
<b>Module M.CoBi.503: Advanced course in Computational Biology</b>		
<b>Learning outcome, core skills:</b> The student learns how to independently perform a project in the area of bioinformatics and/or computational biology. Objective of this project can be the development, evaluation / benchmarking, and analysis of bioinformatic software tools, the automation of data processing, and the analysis of biological data with bioinformatic techniques; the scientific question addressed can revolve around bioinformatic problems, biological phenomena and related fields.		<b>Workload:</b> Attendance time: 280 h Self-study time: 80 h
<b>Course: Lab course: 8 weeks, full-time (Internship)</b> <i>Course frequency: each semester</i>		20 WLH
<b>Examination: Oral examination (approx. 30 minutes)</b> <b>Examination prerequisites:</b> scientific presentation and discussion of obtained results (in form of a protocol) <b>Examination requirements:</b> independent execution of a project in bioinformatics, proven ability to present own results		12 C
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> none	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Alle	
<b>Course frequency:</b> not specified	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b>	
<b>Maximum number of students:</b> 30		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		12 C 14 WLH
<b>Module M.CoBi.504: Comparative and Evolutionary Genomics</b>		
<b>Learning outcome, core skills:</b> Students will acquire an understanding of the usage and usefulness of comparative approaches in analyzing large-scale biological data (foremost sequencing data). This will entail a hands-on experience with carrying out comparative analyses on genomic data. The students will learn how to analyze, evaluate, and present comparative data. Furthermore, students will read, present, and critically discuss published comparative studies that cover current topics in comparative, evolutionary and population genomics. Main topics are: comparative genomics: more than evolutionary biology, introduction to evolutionary/tree thinking, the evolutionary forces that shape genomes, a common language for comparisons (ontologies, pathways and more), reconciliation of gene families and species trees, forward and reverse genetics in light of comparative genomics, major evolutionary transitions gleaned from genomics, phylogenomics, reticulate evolution. Students will acquire an understanding on the principles and concepts important for population genomic analyses and inferences.		<b>Workload:</b> Attendance time: 196 h Self-study time: 164 h
<b>Course: Comparative and Evolutionary Genomics (Lecture)</b> <i>Contents:</i> principles of evolutionary thinking, evolutionary concepts, analyses and useful software for comparative genomic analyses, phylogenomics, ancestral character state reconstruction, Evolutionary processes in populations, Population genetic and genomic analyses, interpretation of data		4 WLH
<b>Examination: protocol (10-20 pages; 70% of final grade); oral presentation in seminar (25 min + 20 min discussion; 30% of final grade)</b> <b>Examination prerequisites:</b> regular attendance and active participation <b>Examination requirements:</b> Detailed knowledge on macro-evolutionary processes, evolutionary thinking, methods available to compare genomic data, background on methods to analyse comparative evolutionary questions with genomic data, interpretation of results		12 C
<b>Course: Genomic insights into evolutionary processes (Seminar)</b> <i>Contents:</i> reading and presenting a published article on comparative, evolutionary and/or population genomics, discussion among all participants on the presented work, feedback on presentation, discussions around evolutionary thinking		3 WLH
<b>Course: Applying Comparative and Evolutionary Genomics (Internship)</b>		7 WLH
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> none	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Jan de Vries	
<b>Course frequency:</b>	<b>Duration:</b>	

---

each winter semester	1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b>
<b>Maximum number of students:</b> 15	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		5 C
<b>Module M.CoBi.506: Linux and Python for biologists</b>		3 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> After successful completion of the module, students have basic knowledge of the Linux operating system as well as basic programming skills in Python or comparable languages.		<b>Workload:</b> Attendance time: 42 h Self-study time: 108 h
<b>Course: Linux and Python for biologists</b> <i>Contents:</i> The practical course "Linux and Python for Biologists and Physicians" teaches basic knowledge of the Linux operating system and programming in Python with special emphasis on bioinformatics applications. Linux and Python are necessary basics for all further activities in the field of bioinformatics. The skills taught in the lab are therefore essential for many computer-based activities in science and industry. In this course, the basics of Unix-based operating systems are introduced first. The focus is on the safe operation of the Unix shell and the use of basic Bash commands. In addition, simple concepts of data processing in the shell are introduced and simple Bash scripts are presented. The Python programming language is then comprehensively introduced. This includes 1) the basics of programming and its syntax in Python (data types, control structures, functions, etc.), 2) advanced concepts of programming with a focus on bioinformatics (containers, iterators, external modules, etc.), and 3) processing and visualizing data using Python. Examples from biology will be used to illustrate the concepts and apply them in exercises. No programming knowledge is assumed. The primary goal of this course is for students to feel confident using Linux and Python and to be able to independently process and visualize data from their subject area appropriately.		3 WLH
<b>Examination: Practical examination with oral presentation (20min), not graded</b> <b>Examination prerequisites:</b> three small project works covering the topics of the respective week <b>Examination requirements:</b> Selbständiges Arbeiten mit dem Kommandozeileninterpreter unter dem Betriebssystem Linux; Erstellung kleiner Programme in der Programmiersprache Python (Einlesen von Daten aus Dateien, anlegen geeigneter Datenstrukturen, Umgang mit Regulären Ausdrücken Implementierung einfacher Algorithmen)		
<b>Examination requirements:</b> Independent work with the command line interpreter under the Linux operating system; creation of small programs in the Python programming language (reading data from files, creating suitable data structures, handling regular expressions, implementation of simple algorithms)		
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> B.Bio.113	

---

<b>Language:</b> English, German	<b>Person responsible for module:</b> Dr. Sophie de Vries
<b>Course frequency:</b> each winter semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 1 - 4
<b>Maximum number of students:</b> 10	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module M.CoBi.507: Computational Biomedicine</b>	6 C 4 WLH
<p><b>Learning outcome, core skills:</b>          After attendance, students will be familiar with common techniques applied in computational biomedicine and will be able to perform basic research projects within the subject. Specific topics are:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Pattern recognition in disease</li> <li>- Computational biomarker discovery</li> <li>- Single- and multi-omics analysis</li> <li>- Computational methods for single-cell analysis: dimension reduction, pseudo-time, and downstream analyses</li> <li>- Cancer evolution modeling</li> <li>- Signal transduction and modeling</li> </ul> <p>The tutorials will enable students to perform basic analyses covering these topics in R or python.</p>	<p><b>Workload:</b>          Attendance time:          56 h          Self-study time:          124 h</p>
<p><b>Course: Computational Biomedicine Lecture</b>  <i>Contents:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Pattern recognition in disease</li> <li>- Computational biomarker discovery</li> <li>- Single- and multi-omics analysis</li> <li>- Computational methods for single-cell analysis: dimension reduction, pseudo-time, and downstream analyses</li> <li>- Cancer evolution modeling</li> <li>- Signal transduction and modeling</li> </ul>	2 WLH
<p><b>Examination: Oral examination (approx. 30 minutes)</b>  <b>Examination prerequisites:</b>          50% of homeworks  <b>Examination requirements:</b>          requirements are a solid understanding of common omics data including single-cell and spatial omics, a basic understanding of computational concepts and their implementation, and familiarity with computational approaches for, e.g., pattern recognition, biomarker discovery, single-cell analysis, cancer evolution, and network inference.</p>	
<p><b>Course: Computational Biomedicine Tutorial</b>  <i>Contents:</i>          Specific topics are:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Pattern recognition in disease</li> <li>- Computational biomarker discovery</li> </ul>	2 WLH



<ul style="list-style-type: none"> <li>- Single- and multi-omics analysis</li> <li>- Computational methods for single-cell analysis: dimension reduction, pseudo-time, and downstream analyses</li> <li>- Cancer evolution modeling</li> <li>- Signal transduction and modeling</li> </ul> <p>The tutorials will enable students to perform basic analyses covering these topics in R or python.</p>	
<p><b>Examination requirements:</b>  requirements are a solid understanding of common omics data including single-cell and spatial omics, a basic understanding of computational concepts and their implementation, and familiarity with computational approaches for, e.g., pattern recognition, biomarker discovery, single-cell analysis, cancer evolution, and network inference.</p>	
<p><b>Admission requirements:</b>  None</p>	<p><b>Recommended previous knowledge:</b>  Basic programming knowledge in R or Python. Basic knowledge in statistics.</p>
<p><b>Language:</b>  English</p>	<p><b>Person responsible for module:</b>  Prof. Dr. Michael Altenbuchinger</p>
<p><b>Course frequency:</b>  each winter semester1</p>	<p><b>Duration:</b></p>
<p><b>Number of repeat examinations permitted:</b>  twice</p>	<p><b>Recommended semester:</b>  from 1</p>
<p><b>Maximum number of students:</b>  30</p>	
<p><b>Additional notes and regulations:</b>  Bemerkungen extern de</p>	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module M.Inf.1114: Algorithms on Sequences</b>		5 C 4 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> We expect that the participants will gain an understanding of classical string-processing tools. They are supposed to understand and be able to use in various situations: classical text algorithms (e.g., pattern matching algorithms, edit distance), classical text indexing data structures (e.g., suffix arrays / trees), and classical combinatorial results that are useful in this context (e.g., periodicity lemmas).		<b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 94 h
<b>Course: Algorithms on Sequences</b> (Lecture, Exercise) <i>Contents:</i> This course is an introduction into the theory of stringology, or algorithms on sequences of symbols (also called words or strings). Our main intention is to present a series of basic algorithmic and combinatorial results, which can be used to develop efficient word-processing tools. While the emphasis of the course is on the theoretical side of stringology, we also present a series of applications of the presented concepts in areas like data-compression or computational biology  The main topics our course will cover are: basic combinatorics on words, pattern matching algorithms, data structures for text indexing (suffix arrays, suffix trees), text compression (Huffman encoding, Lempel-Ziv method), detection of regularities in words, algorithms for words with don't care symbols (partial words), word distance algorithms, longest common subsequence algorithms, approximate pattern matching. The presentation of each theoretical topic from the above will be accompanied by a brief discussion on its possible applications.  Literature <ul style="list-style-type: none"> <li>• T.H. Cormen, C.E. Leiserson, R.L. Rivest, C. Stein: Introduction to Algorithms (3rd Edition), MIT Press, 2009.</li> <li>• M. Crochemore, C. Hancart, T. Lecroq: Algorithms on Strings, Cambridge University Press, 2007.</li> <li>• M. Crochemore, W. Rytter: Jewels of Stringology, World Scientific, 2002.</li> <li>• D. Gusfield. Algorithms on strings, trees, and sequences: computer science and computational biology. Cambridge University Press, 1997.</li> </ul>		4 WLH
<b>Examination: Oral examination (approx. 20 minutes)</b> <b>Examination requirements:</b> basic combinatorics on words, pattern matching algorithms, data structures for text indexing (suffix arrays, suffix trees), text compression (Huffman encoding, Lempel-Ziv method), detection of regularities in words, algorithms for words with don't care symbols (partial words), word distance algorithms, longest common subsequence algorithms, approximate pattern matching		5 C
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> none	
<b>Language:</b>	<b>Person responsible for module:</b>	

---

English	Prof. Dr. Florin-Silviu Manea
<b>Course frequency:</b> irregular	<b>Duration:</b> 1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b>
<b>Maximum number of students:</b> 50	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Inf.1142: Semantic Web</b> <i>English title: Semantic Web</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden kennen die theoretischen Grundlagen sowie technischen Konzepte des Semantic Web. Sie können den Nutzen und die Grenzen der verwendeten Technologien einschätzen und in realen Szenarien abwägen. Sie sehen an einigen Beispielen, wo aktuelle wissenschaftliche Fragestellungen ansetzen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Semantic Web</b> (Vorlesung, Übung)		4 SWS
<b>Prüfung: Klausur (90 Min.) oder mündliche Prüfung (ca. 25 Min.)</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b> Kenntnisse der theoretischen Grundlagen und technischen Konzepte des Semantic Web; Fähigkeit zum Abschätzen des Nutzens und der Grenzen der verwendeten Technologien; Fähigkeit zur Abwägung realer Szenarien; Fähigkeit zum Nachvollziehen wissenschaftlicher Fragestellungen und Vorgehensweisen.		6 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> Datenbanken, Formale Systeme	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> M.Inf.1243	
<b>Sprache:</b> Deutsch, Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Prof. Dr. Wolfgang May	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> unregelmäßig	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 50		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module M.Inf.1232: Parallel Computing</b>	6 C 4 WLH
<p><b>Learning outcome, core skills:</b>          Successfully completing the module, students are able to:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• define and describe the benefit of parallel computing</li> <li>• specify the classification of parallel computers (Flynn classification)</li> <li>• analytically evaluate the performance of parallel computing approaches (scaling/performance models)</li> <li>• know the parallel hardware and performance improvement approaches (cache coherence, pipeline, etc.)</li> <li>• know the interconnects and networks and their role in parallel computing</li> <li>• understand and develop sample parallel programs using different paradigms and development environments (e.g., shared memory and distributed models)</li> <li>• expose to some applications of Parallel Computing through hands-on exercises</li> </ul>	<p><b>Workload:</b>          Attendance time:          56 h          Self-study time:          124 h</p>
<p><b>Course: Parallel Computing</b> (Lecture, Exercise)  <i>Contents:</i>          Successfully completing the lecture, students are able to:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• define and describe the benefit of parallel computing and identify the role of software and hardware in parallel computing</li> <li>• specify the Flynn classification of parallel computers (SISD, SIMD, MIMD)</li> <li>• analytically evaluate the performance of parallel computing approaches (Scaling/Performance models)</li> <li>• understand the different architecture of parallel hardware and performance improvement approaches (e.g., caching and cache coherence issues, pipeline, etc.)</li> <li>• define Interconnects and networks for parallel computing</li> <li>• architecture of parallel computing (MPP, Vector, Shared memory, GPU, Many-Core, Clusters, Grid, Cloud)</li> <li>• design and develop parallel software using a systematic approach</li> <li>• parallel computing algorithms and development environments (i.e. shared memory and distributed memory parallel programming)</li> <li>• write parallel algorithms/programs using different paradigms and environments (e.g., POSIX Multi-threaded programming, OpenMP, MPI, OpenCL/CUDA, MapReduce, etc.)</li> <li>• get exposed to some applications of Parallel Computing through exercises</li> </ul> <p>References</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• An Introduction to Parallel Programming, Peter S. Pacheco, Morgan Kaufmann (MK), 2011, ISBN: 978-0-12-374260-5.</li> <li>• Designing and Building Parallel Programs, Ian Foster, Addison-Waesley, 1995, ISBN 0-201-57594-9 (Available online).</li> </ul>	4 WLH

<ul style="list-style-type: none"> <li>• Advanced Computer Architecture: Parallelism, Scalability, Programmability, Kai Hwang, Int. Edition, McGraw Hill, 1993, ISBN: 0-07-113342-9.</li> <li>• In addition to the mentioned text book, tutorial and survey papers will be distributed in some lectures as extra reading material.</li> </ul>	
<p><b>Examination: Klausur (90 Min.) oder mündliche Prüfung (ca. 20 Min.)</b>  <b>Examination requirements:</b>          Parallel programming; Shared Memory Parallelism; Distributed Memory Parallelism, Single Instruction Multiple Data (SIMD); Multiple Instruction Multiple Data (MIMD); Hypercube; Parallel interconnects and networks; Pipelining; Cache Coherence; Parallel Architectures; Parallel Algorithms; OpenMP; MPI; Multi-Threading (pthreads); Heterogeneous Parallelism (GPGPU, OpenCL/CUDA)</p>	6 C
<p><b>Admission requirements:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Data structures and algorithms</li> <li>• Programming in C/C++</li> </ul>	<p><b>Recommended previous knowledge:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Computer architecture</li> <li>• Basic knowledge of computer networks and topologies</li> </ul>
<p><b>Language:</b> English</p>	<p><b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Ramin Yahyapour</p>
<p><b>Course frequency:</b> unregelmäßig</p>	<p><b>Duration:</b> 1 semester[s]</p>
<p><b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice</p>	<p><b>Recommended semester:</b></p>
<p><b>Maximum number of students:</b> 50</p>	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		6 C 4 SWS
<b>Modul M.Inf.1501: Data Mining in der Bioinformatik</b> <i>English title: Data Mining in Bioinformatics</i>		
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Die Studierenden lernen Methoden zur Analyse mehrdimensionaler Daten, die eine entscheidende Rolle bei der Erforschung biologischer Systeme spielen. Ziel ist das Verständnis der besonderen Eigenschaften von hochdimensionalen Räumen und der statistischen Methoden mit denen Strukturen in komplexen Daten explizit gemacht werden können. Kriterien für die Auswahl und Anwendbarkeit verschiedener Verfahren sollen theoretisch und praktisch nachvollzogen werden.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Data Mining in der Bioinformatik</b> (Vorlesung)		2 SWS
<b>Lehrveranstaltung: Rechnerübung zu Data Mining in der Bioinformatik</b> (Blockveranstaltung)		2 SWS
<b>Prüfung: Mündlich (ca. 20 Minuten)</b>		6 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> Die Studierenden sollen nach Abschluss des Moduls in der Lage sein, Methoden zur Analyse von komplexen Daten selbständig zu verstehen und anzuwenden, sowie die Grenzen der Anwendbarkeit kritisch zu beurteilen.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Algorithmen der Bioinformatik, Maschinelles Lernen in der Bioinformatik	
<b>Sprache:</b> Deutsch, Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. Peter Meinicke	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> unregelmäßig	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 15		

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul M.Inf.1505: Models and Algorithms in Bioinformatics</b> <i>English title: Models and Algorithms in Bioinformatics</i>		6 C 4 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Students learn models and algorithms for statistical data analysis in computational biology. In the associated exercises students learn principles of scientific programming in Python.	<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 124 Stunden	
<b>Lehrveranstaltung: Models and Algorithms in Bioinformatics</b> (Vorlesung, Übung)		4 SWS
<b>Prüfung: Mündlich (ca. 20 Minuten)</b>		6 C
<b>Prüfungsanforderungen:</b> After completion of the module, students should be able to use and implement statistical methods for biological data analysis and critically assess the limits of their applicability.		
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> Basic knowledge of molecular biology, algorithms and statistics.	
<b>Sprache:</b> Deutsch, Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. Peter Meinicke	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> unregelmäßig	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b>	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 15		



<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		6 C 4 WLH
<b>Module M.Inf.2102: Advanced Statistical Learning for Data Science</b>		
<b>Learning outcome, core skills:</b> Students will <ul style="list-style-type: none"> <li>• learn concepts of advanced statistical methods and their scope of applications. These methods comprise the EM algorithm, Markov models, Hidden Markov Models, Markov chain Monte Carlo.</li> <li>• gain a solid understanding of ensemble learning algorithms. In particular, we will address additive tree approaches like boosting and Random Forest algorithms, as well as methods for ensemble optimization</li> <li>• learn strategies for model assessment and selection such as nested cross-validation, Monte Carlo validation, or permutation tests. Moreover, this will comprise measures of model quality and robustness.</li> <li>• acquire practical experience in the interpretation of machine learning models and learn required methods for feature selection, importance, stability, and robustness</li> <li>• learn techniques of statistical network inference, their implementation as well as their application to high-dimensional data.</li> </ul>		<b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 124 h
<b>Course: Advanced Statistical Learning for Data Science (Lecture)</b> Hastie, et al. Elements of Statistical Learning <a href="https://web.stanford.edu/~hastie/ElemStatLearn/">https://web.stanford.edu/~hastie/ElemStatLearn/</a> Bishop: Pattern Recognition and Machine Learning. <a href="https://cs.ugoe.de/prml">https://cs.ugoe.de/prml</a>		2 WLH
<b>Examination: Written exam (90 min) or oral exam (approx. 20 min)</b> <b>Examination prerequisites:</b> M.Inf.2102.Ex: At least 50% of homework exercises solved. <b>Examination requirements:</b> Knowledge of advanced statistical methods, ensemble learning, model assessment, and interpretation as well as statistical network inference. Evaluate their advantages and disadvantages and the ability to implement and interpret the results of these techniques.		6 C
<b>Course: Statistical Learning in Data Science Exercise (Exercise)</b>		2 WLH
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Basic knowledge of linear algebra and probability Completion of B.Inf.1236 Machine Learning or equivalent	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Jun.-Prof. Dr. Anne Christin Hauschild Prof. Dr. Michael Altenbuchinger	
<b>Course frequency:</b> each winter semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 1 - 3	

<b>Maximum number of students:</b> not limited	
---	--

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module M.WIWI-QMW.0001: Generalized Regression</b>	6 C 4 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> Upon completion of the module, the students have acquired the following competencies: <ul style="list-style-type: none"> <li>• overview on extended regression modelling techniques that allow to analyse data with non-normal responses,</li> <li>• approaches for modeling nonlinear effects in scatterplot smoothing,</li> <li>• introduction to additive models and mixed models for complex regression analyses,</li> <li>• implementation of these approaches using statistical software packages.</li> </ul>	<b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 124 h
<b>Course: Generalized Regression (Lecture)</b> <i>Contents:</i> Generalized linear models (binary and Poisson regression, exponential families, maximum likelihood estimation, iteratively weighted least squares regression, tests of hypotheses, confidence intervals, model selection and model checking, categorical regression models), nonparametric smoothing techniques (penalized spline smoothing, local smoothing approaches, general properties of scatterplot smoothers, choosing the smoothing parameter, bivariate and spatial smoothing, generalized additive models), mixed models, quantile regression	2 WLH
<b>Course: Generalized Regression (Tutorial)</b> <i>Contents:</i> Generalized linear models (binary and Poisson regression, exponential families, maximum likelihood estimation, iteratively weighted least squares regression, tests of hypotheses, confidence intervals, model selection and model checking, categorical regression models), nonparametric smoothing techniques (penalized spline smoothing, local smoothing approaches, general properties of scatterplot smoothers, choosing the smoothing parameter, bivariate and spatial smoothing, generalized additive models), mixed models, quantile regression	2 WLH
<b>Examination: Written examination (90 minutes) or oral examination (approx. 20 minutes)</b>	6 C
<b>Examination requirements:</b> In the exam, the students demonstrate their ability to choose, fit and interpret extended regression modeling techniques. They show a general understanding of the derived estimates and their interpretation in various contexts. The students are able to implement complex regression models using statistical software and to interpret the corresponding results. The exam covers contents of both the lecture and the exercise class.	
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Basic knowledge of statistical modelling using linear regression models

	M.WIWI-QMW.0002 Advanced Statistical Inference (Likelihood & Bayes)
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Thomas Kneib
<b>Course frequency:</b> each summer semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 2
<b>Maximum number of students:</b> not limited	
<b>Additional notes and regulations:</b> The actual examination will be published at the beginning of the semester.	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		6 C 4 WLH
<b>Module M.WIWI-QMW.0002: Advanced Statistical Inference (Likelihood &amp; Bayes)</b>		
<b>Learning outcome, core skills:</b> Upon completion of the module, the students have acquired the following competencies: <ul style="list-style-type: none"> <li>• foundations and general properties of likelihood-based inference in statistics,</li> <li>• bayesian approaches to statistical learning and their properties,</li> <li>• implementation of both approaches in statistical software using appropriate numerical procedures.</li> </ul>		<b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 124 h
<b>Course: Advanced Statistical Inference (Likelihood &amp; Baye) (Lecture)</b> <i>Contents:</i> The likelihood function and likelihood principles, maximum likelihood estimates and their properties, likelihood-based tests and confidence intervals (derived from Wald, score, and likelihood ratio statistics), expectation maximization algorithm, Bootstrap procedures (estimates for the standard deviation, the bias and confidence intervals), Bayes theorem, Bayes estimates, Bayesian credible intervals, prior choices, computational approaches for Bayesian inference, model choice, predictions		2 WLH
<b>Course: Advanced Statistical Inference (Likelihood &amp; Bayes) (Exercise)</b> <i>Contents:</i> The likelihood function and likelihood principles, maximum likelihood estimates and their properties, likelihood-based tests and confidence intervals (derived from Wald, score, and likelihood ratio statistics), expectation maximization algorithm, Bootstrap procedures (estimates for the standard deviation, the bias and confidence intervals), Bayes theorem, Bayes estimates, Bayesian credible intervals, prior choices, computational approaches for Bayesian inference, model choice, predictions		2 WLH
<b>Examination: Written examination (90 minutes) or oral examination (approx. 20 minutes)</b>		6 C
<b>Examination requirements:</b> The students demonstrate their general understanding of likelihood-based and Bayesian inference for different types of applications and research questions. They know about the advantages and disadvantages as well as general properties of both approaches, can critically assess the appropriateness for specific problems, and can implement them in statistical software. The exam covers contents of both the lecture and the exercise class.		
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Basic knowledge of mathematics and statistics	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Thomas Kneib	
<b>Course frequency:</b> every year	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	

<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 1 - 2
<b>Maximum number of students:</b> not limited	
<b>Additional notes and regulations:</b> The actual examination will be published at the beginning of the semester.	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module M.iPAB.0003: Statistical genetics, breeding informatics and experimental design</b>	6 C 4 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> Novel biotechnological methods allow the production of very large data sets (gene sequences, genotypes, transcriptomes) at decreasing costs. Students learn about statistical and computational methods to use these records for breeding issues. Furthermore, the main experimental designs to plan, implement, and evaluate targeted and efficient experiments for data generation will be treated.	<b>Workload:</b> Attendance time: 56 h Self-study time: 124 h
<b>Course: Statistical genetics, breeding informatics and experimental design</b> (Lecture, Exercise) <i>Contents:</i> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Gene Expression Analysis</li> <li>• Genome-wide association analysis</li> <li>• QTL mapping</li> <li>• Statistical hypothesis testing</li> <li>• Regression methods</li> <li>• Analysis of variance</li> <li>• Multiple testing</li> <li>• Experimental designs (block designs, randomized designs, Latin squares)</li> <li>• Sample size estimation</li> <li>• Introduction to programming</li> <li>• Fundamentals of databases</li> </ul> Literature: Andrea Foulkes: Applied Statistical Genetics with R	4 WLH
<b>Examination: Written examination (60 minutes)</b> <b>Examination requirements:</b> Profound knowledge of statistics and informatics methods to use them for breeding issues.	6 C
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Basics in statistics and genetics
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Armin Schmitt
<b>Course frequency:</b> each winter semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b>
<b>Maximum number of students:</b> 20	

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b>		3 C
<b>Module M.iPAB.0014: Data Analysis with R</b>		2 WLH
<b>Learning outcome, core skills:</b> The students will be able to use methods provided by the statistical package R to perform the analysis of data sets that are typical in the life sciences. A core skill is the identification, usage and evaluation of online resources (e.g. packages and data sets).		<b>Workload:</b> Attendance time: 28 h Self-study time: 62 h
<b>Course: Data Analysis with R</b> (Block course, Lecture, Exercise) <i>Contents:</i> The fundamental concepts of the programming package R will be presented and deepened during practical exercises. Statistical methods will be recapitulated if necessary. Special emphasis is put on visualization methods.  <i>Literature:</i> Wiki-book "R programming" <a href="https://en.wikibooks.org/wiki/R_Programming">https://en.wikibooks.org/wiki/R_Programming</a>  "R for Beginners" by Emanuel Paradis <a href="https://cran.r-project.org/doc/contrib/Paradis-rdebuts_en.pdf">https://cran.r-project.org/doc/contrib/Paradis-rdebuts_en.pdf</a>  "R tips" by Paul E. Johnson <a href="http://pj.freefaculty.org/R/Rtips.pdf">http://pj.freefaculty.org/R/Rtips.pdf</a>		2 WLH
<b>Examination: Oral examination (approx. 20 minutes)</b> <b>Examination requirements:</b> Ability to analyze typical data sets with the statistical package R and interpretation of the results.		3 C
<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Knowledge of basic statistics concepts	
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Felix Heinrich	
<b>Course frequency:</b> each semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]	
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> Master: 4	
<b>Maximum number of students:</b> 24		



<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Module SK.Bio-NF.7001: Neurobiology</b>	3 C 2 WLH
---	--------------

<p><b>Learning outcome, core skills:</b></p> <p>The students should acquire comprehension in form and function of neurons and their anatomical and physiological features (genetics, subcellular organization, resting membrane potential, action potential generation, stimulus conduction, transmitter release, ion channels, receptors, second messenger cascades, axonal transport). The students acquire knowledge of the physiological basics of sensory systems (olfactory, gustatory, acoustic, mechanosensory and visual perception) as well as motor control. Based on this the students educe understanding for the relation between neuronal circuits and simple modes of behavior (central pattern generators, reflexes, and taxis movements). The students should conceptually learn how neuronal connections are modified by experience (cellular mechanisms of learning and memory) and should learn different types of modification of behavior based on experience and neuronal substrates. The students should acquire fundamental insight into the organization and function of brains and autonomous nervous systems of mammals and invertebrates. The neurobiological basis of behavioral control (orientation, communication, circadian rhythm and sleep as well as motivation and metabolism) is explained. The students will learn physiological and cellular mechanisms of aging and of neurodegenerative diseases.</p>	<p><b>Workload:</b></p> <p>Attendance time: 30 h Self-study time: 60 h</p>
---	--

<b>Course: Neurobiology</b> (Lecture)	2 WLH
<b>Examination: Written examination (90 minutes)</b>	3 C

<p><b>Examination requirements:</b></p> <p>The students should be able to assess coherence and facts of statements in neurobiology and to answer questions on the structure and function of neurons and neuronal circuits. They should have the ability to describe and compare neuronal basics of behavioral control, their experience-dependent modification and conceptual mechanisms of complex behavior. They should be able to describe and compare physiological mechanisms of sensory perception and different sensory modalities as well as physiological and cellular mechanisms of aging and of neurodegenerative diseases.</p>	
--	--

<b>Admission requirements:</b> none	<b>Recommended previous knowledge:</b> Basic knowledge in Biology
<b>Language:</b> English	<b>Person responsible for module:</b> Prof. Dr. Andre Fiala
<b>Course frequency:</b> each summer semester	<b>Duration:</b> 1 semester[s]
<b>Number of repeat examinations permitted:</b> twice	<b>Recommended semester:</b> 4 - 6
<b>Maximum number of students:</b> 30	

<b>Additional notes and regulations:</b>
--

Das Modul kann nicht in Kombination mit SK.Bio.7001 belegt werden.

<b>Georg-August-Universität Göttingen</b> <b>Modul SK.Bio.307: Linux und Python für Biologiestudierende</b> <i>English title: Linux and Python for biologists</i>		4 C 3 SWS
<b>Lernziele/Kompetenzen:</b> Nach erfolgreichem Absolvieren des Moduls besitzen die Studierenden grundlegende Kenntnisse des Betriebssystems Linux sowie grundlegende Programmierkenntnisse in Python oder vergleichbaren Sprachen.		<b>Arbeitsaufwand:</b> Präsenzzeit: 56 Stunden Selbststudium: 64 Stunden
<b>Lehrveranstaltung: Linux und Python für Biologen (Praktikum)</b> Die Veranstaltung findet online statt. <i>Angebotshäufigkeit:</i> Block course during the lecture free time		3 SWS
<b>Prüfung: Praktische Prüfung mit Vortrag (20 Minuten), unbenotet</b> <b>Prüfungsanforderungen:</b> Selbständiges Arbeiten mit dem Kommandozeileninterpreter unter dem Betriebssystem Linux; Erstellung kleiner Programme in der Programmiersprache Python (Einlesen von Daten aus Dateien, anlegen geeigneter Datenstrukturen, Umgang mit Regulären Ausdrücken Implementierung einfacher Algorithmen)		4 C
<b>Zugangsvoraussetzungen:</b> keine	<b>Empfohlene Vorkenntnisse:</b> B.Bio.113	
<b>Sprache:</b> Deutsch, Englisch	<b>Modulverantwortliche[r]:</b> Dr. Sophie de Vries	
<b>Angebotshäufigkeit:</b> jedes Wintersemester; in vorlesungsfreier Zeit	<b>Dauer:</b> 1 Semester	
<b>Wiederholbarkeit:</b> zweimalig	<b>Empfohlenes Fachsemester:</b> 5 - 6	
<b>Maximale Studierendenzahl:</b> 30		
<b>Bemerkungen:</b> Das Modul kann nicht in Kombination mit B.Bio.117 belegt werden.		