

# Modulhandbuch Master Angewandte Bioinformatik

Institut für Informatik

April 19, 2012

## 1 Veranstaltungen der Informatik

Modul: Grundlagen der Informatik					
		Aufwand	Kreditpunkte	Dauer	Regelsemester
		360	12 LP	1	1-2
Veranstaltungen	Kontaktzeit	Selbststudium	Verpf.-grad	Studienleistung	Kreditpunkte
Theoretische Grundlagen der Informatik			P		
- Vorlesung	2 SWS / 21 h	69 h			3 LP
- Übung	2 SWS / 21 h	69 h			3 LP
Einführung in die Softwareentwicklung			P		
- Vorlesung	2 SWS / 21 h	69 h			3 LP
- Übung	2 SWS / 21 h	69 h			3 LP
<b>Qualifikationsziele</b>					
Theoretische Grundlagen der Informatik: Die Studierenden					
- verfügen über ein Verständnis für die Grundlagenfragen der Informatik;					
- kennen Verfahren zur Beurteilung der Berechenbarkeit und Entscheidbarkeit;					
- kennen Komplexitätsmaße und Methoden zur Bewältigung von Komplexität;					
- können mathematische Methoden zur Klärung von Grundlagenfragen der Informatik anwenden.					
Einführung in die Softwareentwicklung: Ausgehend vom Einsatz objektorientierter Modellierungsmethoden zur Beschreibung von Softwaresystemen (hier UML) wird die Realisierung, die Dokumentation und der Test des Systems vermittelt. Die Realisierung erfolgt in einer objektorientierten Programmiersprache (hier Java) unter Verwendung relevanter Bibliotheken für Standardtypen (Collections) und graphischer Benutzungsschnittstellen (Swing). Der praktische Anteil der Veranstaltung wird durch Standard-Software-Entwicklungswerkzeuge (z.Z. Eclipse, SVN, JavaDoc, JUnit) unterstützt.					
<b>Inhalte</b>					
Theoretische Grundlagen der Informatik: Berechenbarkeitstheorie (Turing-Maschinen, Unentscheidbarkeit, Reduktion) und Komplexitätstheorie (Aufwandsabschätzung, Klassen P und NP, NP-Vollständigkeit)					
Einführung in die Softwareentwicklung:					
- Prozessmodelle der Softwareentwicklung;					
- Objektorientierung (Grundlagen der Objektorientierung, Vorgehen zur objektorientierten Softwareentwicklung);					
- UML als Modellierungsmittel (Objektdiagramme, Klassendiagramme); Objektorientierte Implementierung;					
- Testen (Testgrundlagen, Testfälle und Teststrategien, Testen mit JUnit); Ausnahmebehandlung;					

- abstrakte Datenstrukturen (Java-Collections); GUI Entwicklung mit Swing
<b>Gruppengröße</b> Vorlesung: unbeschränkt Übung: 15
<b>Verwendbarkeit</b> B.Sc. Informatik
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Klausur (120min)
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird jährlich angeboten
<b>Modulverantwortliche</b> Prof. Dr. Andreas Hildebrandt, Prof. Dr. Ernst Althaus
<b>Sonstige Informationen</b> Literatur: - Hopcroft, Motwani, Ullman: Einführung in die Automatentheorie, Formale Sprachen und Komplexitätstheorie - Asteroth, Baier: Theoretische Informatik

Modul: <b>Vertiefung Informatik</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		360	12 LP	2	2-3
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpfg.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Einführung in die Bioinformatik - Vorlesung - Übung	2 SWS / 21 h 2 SWS / 21 h	69 h 69 h	P		3 LP 3 LP
Vertiefungsvorlesung Informatik  - Vorlesung - Übung	  2 SWS / 21 h 2 SWS / 21 h	  69 h 69 h	WP	Klausur (120min) oder mündliche Prüfung (30min)	  3 LP 3 LP
<b>Qualifikationsziele</b> Bioinformatik I: Die Studierenden lernen die grundlegenden Methoden und Algorithmen der sequenzbasierten Bioinformatik, sowie einige statistische Bioinformatische Methoden kennen. Vertiefungsvorlesung: In der Vertiefungsvorlesung gewinnen die Studierenden vertiefte Kenntnisse in einem selbst gewählten Bereich der Informatik, die den aktuellen Stand der Forschung aufnehmen.					
<b>Inhalte</b> Einführung in die Bioinformatik: Grundlagen der Genetik, Sequenzierungsalgorithmen, Ähnlichkeit biologischer Sequenzen, Stringalignments, next generation sequencing Technologie, statistische Analyse biologischer Resultate, Einführung in die Micro-Array Analyse Vertiefung: die Schwerpunkte können entsprechend dem Angebot des Instituts für Informatik gewählt werden.					
<b>Gruppengröße</b> Vorlesung: unbeschränkt Übung: 15					

<b>Verwendbarkeit</b> B.Sc. Informatik
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Klausur (120min) oder mündliche Prüfung (30min) (Einführung in die Bioinformatik)
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird jährlich angeboten
<b>Modulverantwortliche</b> Prof. Dr. Andreas Hildebrandt
<b>Sonstige Informationen</b> Die Vertiefungsvorlesung ist eine beliebige weitere Vorlesung aus dem Bachelorprogramm der Informatik.

Modul: <b>Datenstrukturen und Effiziente Algorithmen</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		270	9 LP	1	1-2
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpfg. grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Datenstrukturen und Effiziente Algorithmen: - Vorlesung - Übung	4 SWS / 42 h 2 SWS / 21 h	138 h 69 h	P		6 LP 3 LP
<b>Qualifikationsziele</b> Der Modul vermittelt die wichtigen Basisalgorithmen der Informatik. Das Grundwissen über effiziente Algorithmen und Datenstrukturen fördert die Problemlösungsfähigkeiten der Studierenden. Sie sollen in der Lage sein, einfache Probleme von der Auswahl der Verfahren bis zur effizienten Implementierung zu lösen. Für Lehramtsstudierende vermittelt das Modul somit Kenntnisse über grundlegende Problemstellungen der Informatik und dazugehörige Lösungsmöglichkeiten.					
<b>Inhalte</b> - grundlegende Datenstrukturen und Algorithmen: Sortieren, Suchbäume, Prioritätswarteschlangen, Skiplisten, Hashing, Union-Find - Graphalgorithmen: Zusammenhangskomponenten, Wegesuche, Spannbäume, Matching, Flüsse - Paradigmen des Algorithmenentwurfs: Divide & Conquer, dynamisches Programmieren, randomisierte Algorithmen, Greedy Strategien - Analysetechniken: Analyse randomisierter Algorithmen, amortisierte Analyse					
<b>Gruppengröße</b> Vorlesung: unbeschränkt Übung: 15					
<b>Verwendbarkeit</b> B.Sc. Informatik					
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Klausur (120min)					
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird jährlich angeboten					
<b>Modulverantwortliche</b> Prof. Dr. Ernst Althaus					
<b>Sonstige Informationen</b> Literatur:					

Modul: <b>Mathematik für Bioinformatiker</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		450	15 LP	2	1-2
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpfg.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Mathematik für Informatiker I:			P		
- Vorlesung	2 SWS/21 h	69 h			3 LP
- Übung	2 SWS/21 h	69 h			3 LP
Mathematik für Informatiker II:			P		
- Vorlesung	2 SWS/21 h	69 h			3 LP
- Übung	2 SWS/21 h	69 h			3 LP
Tutorium	4 SWS/42 h	38 h	P	.	3 LP
<b>Qualifikationsziele</b>					
<p>Das Modul vermittelt die für Informatiker wichtigsten Grundlagen der Mathematik sowie die damit verbundene Kenntnis der unterschiedlichsten mathematischen Strukturen. Dabei wird das Abstraktionsvermögen geschult und ein tieferes Verständnis für das Formalisieren von Vorgängen und Problemen erzielt. Die vermittelten Beweistechniken erhöhen die Fähigkeit, Probleme gezielt auf das Wesentliche zu reduzieren und dann einer Lösung zuzuführen.</p> <p>Im Tutorium wird sichergestellt, dass die Studierenden dem interdisziplinären Anspruch des Programms nachkommen können. Dadurch wird eine Erschließung des speziell bioinformatischen Wissens im Curriculum erleichtert und Probleme bei der Umstellung auf eine informatische bzw. mathematische Sichtweise lebenswissenschaftlicher Probleme gezielt und individuell gelöst.</p>					
<b>Inhalte</b>					
<p>Vorlesung:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Aussagen, Beweise, Mengen, Relationen, Abbildungen, vollständige Induktion;</li> <li>- Kombinatorik und diskrete Wahrscheinlichkeitsrechnung: Binomialkoeffizienten, unabhängige Ereignisse, bedingte Wahrscheinlichkeit, Zufallsvariablen, Erwartungswerte und Varianz;</li> <li>- Graphentheorie: Eulersche und Hamiltonsche Graphen, Bäume, gewichtete Graphen, ebene und plättbare Graphen, Färbungen auf Graphen;</li> <li>- Elementare Zahlentheorie: Äquivalenzklassen, Teilbarkeit und Division mit Rest, Primzahlen, Rechnen modulo n, Primzahltests;</li> <li>- Kryptographie: Klassische Verfahren und RSA-Algorithmus;</li> <li>- Algebraische Strukturen: Gruppen, Ringe, Polynomringe, endliche Körper, komplexe Zahlen, Lösungsformeln für Gleichungen, Vektorräume, Erzeugendensysteme und Dimension, Homomorphismen;</li> <li>- Erzeugende Funktionen und lineare Rekursionsgleichungen;</li> </ul> <p>Tutorium:</p> <p>Die Inhalte der Vorlesung, sowie von "Datenstrukturen und effiziente Algorithmen" und "theoretische Grundlagen der Informatik" werden zueinander in Bezug gesetzt und deren Anwendbarkeit auf Fragestellungen der Bioinformatik gezeigt.</p>					
<b>Gruppengröße</b>					
<p>Vorlesung: unbeschränkt                  Übung: 15                  Tutorium: 30</p>					

<b>Verwendbarkeit</b> B.Sc. Informatik
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Klausur (120min)
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird jährlich angeboten
<b>Modulverantwortliche</b> Studiengangsbeauftragter der Mathematik
<b>Sonstige Informationen</b> Literatur: Skript zur Vorlesung

Modul: <b>Bioinformatik</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		360	12 LP	1	2-3
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpf.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Strukturbasierte Bioinformatik			P		
- Vorlesung	2 SWS/21 h	69 h			3 LP
- Übung	2 SWS/21 h	69 h			3 LP
Seminar: Selected Topics in Bioinformatics	2 SWS/21 h	69 h	P	Vortrag und mündliche Prüfung (45min) und Ausarbeitung (jeweils in englisch)	3 LP
Praktikum: Anwendung bioinformatischer Softwarewerkzeuge	2 SWS/21 h	69 h	P		3 LP
<b>Qualifikationsziele</b>					
Nach Absolvieren des Moduls besitzen die Studenten Kompetenzen im Entwurf effizienter Algorithmen für biologische Probleme. Sie beherrschen den sicheren Umgang mit computergestützten Methoden zur Modellierung und Simulation biologischer System und haben in den Übungen zur Vorlesung praktische Kenntnisse in der Implementierung solcher Methoden erworben. Im Praktikum lernen die Studenten, wichtige Bioinformatik-Tools auf praxisrelevanten Probleme sicher anzuwenden.					
<b>Inhalte</b>					
Grundlagen der Proteinstruktur (insbesondere sekundär, tertiär und quartär), energetische Bewertung und molekularmechanische Simulation, Grundlagen der Strukturvorhersage, Protein-Protein - und Protein-Ligand - Dockingverfahren. Praktische Anwendung von Tools zur Sequenz- (z.B. ClustalW, BLAST, ...), Struktur- (z.B. BALL/BALLView, Autodock, ...) und Netzwerkanalyse (Cytoscape, ...) Im Seminar können darüberhinaus aktuelle Themen aus anderen Bereichen der Bioinformatik (z.B. RNA, Microarrays, Netzwerkanalyse, ...) besprochen werden.					
<b>Gruppengröße</b>					
Vorlesung: unbeschränkt Übung: 15					

Seminar: 30 Praktikum: 15
<b>Verwendbarkeit</b> M.Sc. Informatik
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Klausur (120min) oder mündliche Prüfung (30min)
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird jährlich angeboten
<b>Modulverantwortliche</b> Prof. Dr. Andreas Hildebrandt
<b>Sonstige Informationen</b> Das Seminar wird in englischer Sprache durchgeführt. Es gibt leider kaum aktuelle einführende Lehrbücher zur Materie. Etwas veraltet, aber immer noch sehr hilfreich ist "Molecular Modelling: Principles and Applications" von Andrew Leach. Speziell für den Bereich "Wirkstoffentwurf" ist "Wirkstoffdesign: Entwurf und Wirkung von Arzneistoffen" von Gerhard Klebe zu empfehlen. Einen aktuelleren Überblick über die Strukturbioinformatik vermittelt "Structural Bioinformatics", herausgegeben von Jenny Gu und Philip Bourne.

## 2 Veranstaltungen der Biologie

Im Folgenden sind mögliche Module für Biologie I und II beispielhaft aufgelistet. Sie sind nur als Anhaltspunkt gedacht. Weitere Veranstaltungen können belegt werden und sind auch zu empfehlen. Jeder Studierende wählt zwei dieser Module (Biologie I und II).

Modul: <b>Humangenetik und Molekulargenetik</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		270	9 LP	1	1-3
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpf.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Humangenetik und Molekulargenetik - Vorlesung - Laborpraktikum	2 SWS / 21 h 6 SWS / 63 h	69 h 117 h			3 LP 6 LP
<b>Qualifikationsziele</b> Die Studierenden kennen Inhalte und Methoden der klinisch-genetischen und anthropologischen Forschung und Diagnostik wie genetische und epigenetische Ursachen von monogenen und komplexen Krankheiten. Sie verstehen die Modulation genetischer Faktoren durch die Umwelt und kennen die Prinzipien und Mechanismen der Ontogenese. Sie kennen den Zusammenhang zwischen Genomevolution und Genompathologie und verstehen die Diversitätsmuster (Mensch) auf verschiedenen Ebenen der Organisation (molekular, chromosomal) im evolutionären und biomedizinisch-relevanten Kontext und das aktuelle Wissen über deren zugrunde liegenden Prozesse. Sie können Arbeitsmethoden in der Chromosomenanalyse und der Genom-, Epigenom-Transkriptom- und Proteomforschung selbstständig, sicher und unter Beachtung der relevanten Sicherheitsaspekte anwenden und beherrschen die molekulargenetische, anthropologische, humangenetische und bioinformatische Fachterminologie in angemessener Breite und Differenzierung.					
<b>Inhalte</b> - VL: Humangenetik (Geschichte/ Ethik der Humangenetik, Chromosomenkrankheiten, pränatale Diagnostik, direkte und indirekte Gendiagnostik, prädiktive Testung, monogene Erkrankungen, komplexe Erkrankungen, Krebs, Imprintingstörungen, unerfüllter Kinderwunsch, assistierte Reproduktion);					

- Molekulargenetik, Humangenomprojekt, Epigenetik, molekulare Diagnostik, molekulare Onkologie;
- Genetische Beratung (Internetrecherche, z.B. Suche nach genetischen Informationen in OMIM; Stammbauanalyse; Abschätzen von genetischen Risiken;
- Klinische Zytogenetik (Nomenklatur, Chromosomenbänderungsanalysen, Erstellen eines Karyotyps; Auswertung von Karyogrammen; Befundinterpretation;
- Molekulargenetische Diagnostik, Nachweis von Imprintingmutationen: Bisulphit- Behandlung genomischer DNA, Sequenzreaktion, Pyrosequenzierung, RNA-Analysen, Proteinanalyse.

**Gruppengröße**

Vorlesung: unbeschränkt

Praktikum: 15

**Verwendbarkeit**

Master Informatik: Vertiefung C oder D

Master Angewante Bioinformatik: Biologie I oder II

M.Sc. Biologie, M.Sc. Anthropologie

**Prüfungsformen und Leistungen**

Protokoll (benotet)

**Turnus der Veranstaltungen**

Das Modul wird jährlich angeboten

**Modulverantwortliche**

Prof. Dr. Hans Zischler

**Sonstige Informationen**

vgl. Modulhandbuch Biologie

Modul: Molekulargenetik - Gentechnologie I					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		270	9 LP	1	1-3
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpf.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Einführung in die Gentechnologie					
- Vorlesung	2 SWS / 21 h	69 h			3 LP
- Übung	6 SWS / 63 h	117 h			6 LP
<b>Qualifikationsziele</b>					
Die Studierenden erwerben ein vertieftes, detailliertes Wissen in einem Teilgebiet der Molekulargenetik. In der intensiven Beschäftigung mit Problemen der Gentechnologie erwerben die Studierenden spezialisierte Kenntnisse und Fertigkeiten, die weit über Grundkenntnisse der Molekulargenetik hinausgehen. Sie lernen in der Gentechnologie einen stark angewandten Aspekt der Molekulargenetik kennen, der sie dazu befähigt, selbstständig komplexere gentechnische Methoden anzuwenden, die Ergebnisse gentechnischer Experimente korrekt zu interpretieren und in wissenschaftlich angemessener Form zu dokumentieren.					
<b>Inhalte</b>					
Vertiefte theoretische wie experimentelle Bearbeitung gentechnischer Themen. In der Vorlesung wird ein umfassender Überblick über den Stand der gesamten Gentechnologie vermittelt. In den Übungen werden methodisch anspruchsvolle, forschungsorientierte Projekte durchgeführt, die dem aktuellen Stand der Technik entsprechen. Bevorzugt werden Projekte durchgeführt, in denen möglichst verschiedene Techniken zum Einsatz kommen (Genklonierung; DNA-Analyse, -Präparation, -in vitro Markierung auch mit Radionukliden; Herstellung und screening von Genbibliotheken; DNA-Sequenzierprojekte; Grundlagen der Computergestützten Sequenzanalyse)					

<b>Gruppengröße</b> Vorlesung: unbeschränkt Übung: 15
<b>Verwendbarkeit</b> Master Informatik: Vertiefung C oder D Master Angewante Bioinformatik: Biologie I oder II M.Sc. Biologie, Anthropologie, Translationale Biomedizin, Biomedizinische Chemie
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Klausur (60 min) und gegebenenfalls mündliche Ergänzungsprüfung
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird jährlich angeboten
<b>Modulverantwortliche</b> Prof. Dr. Erwin Schmidt
<b>Sonstige Informationen</b> vgl. Modulhandbuch Biologie

Modul: <b>Molekulare Zellbiologie I</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		270	9 LP	1	1-3
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpf.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Zellbiologie des Cytoskeletts und Bewegungsmechanismen					
- Vorlesung	2 SWS / 21 h	69 h			3 LP
- Übung	6 SWS / 63 h	117 h			6 LP
<b>Qualifikationsziele</b>					
Die Studierenden können in einem wichtigen Teilgebiet der modernen Biologie ein vertieftes Wissen durch Lösen komplexer Aufgaben demonstrieren. Sie können Grundkenntnisse in Planung und Design naturwissenschaftlicher Experimente demonstrieren. Sie sind in der Lage, unter Anleitung anspruchsvolle biochemische, zell- und molekularbiologische Versuche durchzuführen; die Ergebnisse in strukturelle und funktionale Zusammenhänge zu bringen; die Bedeutung von Kontrollexperimenten sicher einzuschätzen; Führen eines Laborbuches; die Ergebnisse protokollieren und interpretieren. Sie sind in der Lage, die Ergebnisse schriftlich zusammenzufassen und in einem Vortrag zu präsentieren. Bei der Arbeit in Kleingruppen können sie Teamfähigkeit demonstrieren.					
<b>Inhalte</b>					
Exemplarisch bearbeiten die Studierenden Fragestellungen aus der molekularen Zellbiologie.					
<ul style="list-style-type: none"> <li>- Transformation von Bakterien; DNA-Isolation aus Bakterien; Restriktionsverdau</li> <li>- Kultivierung von eukaryotischen Zellen</li> <li>- Rekombinante Expression von Proteinen in eukaryotischen Zellen</li> <li>- Expression rekombinanter Proteine in heterologen Zellsystemen</li> <li>- Isolierung nativer Proteine aus Zellen und Geweben</li> <li>- Subzelluläre Fraktionierung von Zellkompartimenten</li> <li>- Proteinanalytik (Proteinbestimmung, SDS-PAGE, Western Blot)</li> <li>- Analyse von Protein-Protein Wechselwirkungen</li> <li>- Immunocyto- bzw. -histochemie an Zellen und Geweben</li> <li>- Elektronenmikroskopie von Zellen und Geweben</li> </ul>					



- Immunoelektronenmikroskopie
<b>Gruppengröße</b> Vorlesung: unbeschränkt Übung: 15
<b>Verwendbarkeit</b> Master Informatik: Vertiefung C oder D Master Angewante Bioinformatik: Biologie I oder II M.Sc. Biologie
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Klausur (60 min) und gegebenenfalls mündliche Ergänzungsprüfung
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird jährlich angeboten
<b>Modulverantwortliche</b> Prof. Dr. Uwe Wolfrum
<b>Sonstige Informationen</b> vgl. Modulhandbuch Biologie

### 3 Abschlussmodule

Modul: <b>Masterseminar</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		270	9 LP	1	3
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpf.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Masterseminar			WP		
<b>Qualifikationsziele</b> Die Studierenden sind befähigt, ein Thema im von ihnen gewählten Spezialgebiet wissenschaftlich zu bearbeiten. Sie in der Lage sich in einer Kleingruppe einen Einblick in ein Spezialgebiet zu verschaffen. Weiterhin sind sie befähigt, auch in interdisziplinären Gruppen, komplexe Sachverhalte zu kommunizieren und zu diskutieren.					
<b>Inhalte</b> Masterseminar: Einarbeitung in ein wissenschaftliches Spezialgebiet durch Literaturrecherche, wissenschaftliche Diskussionen und evtl. prototypische Implementierungen.					
<b>Gruppengröße</b> 25					
<b>Verwendbarkeit</b> Masterseminar					
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b> Präsentation und mündliche Prüfung (45min)					
<b>Turnus der Veranstaltungen</b> Das Modul wird bei Bedarf angeboten					
<b>Modulverantwortliche</b> Lehrende der Informatik					

Modul: <b>Abschlussmodul</b>					
		<b>Aufwand</b>	<b>Kreditpunkte</b>	<b>Dauer</b>	<b>Regelsemester</b>
		1260	33 LP	1	4
<b>Veranstaltungen</b>	<b>Kontaktzeit</b>	<b>Selbststudium</b>	<b>Verpf.-grad</b>	<b>Studienleistung</b>	<b>Kreditpunkte</b>
Masterarbeit			WP	Modulprüfung	30 LP
Abschlussprüfung		.	P	Modulprüfung	3 LP
<b>Qualifikationsziele</b>					
Die Studierenden sind befähigt, ein Thema im von ihnen gewählten Spezialgebiet wissenschaftlich zu bearbeiten. Sie sind in der Lage in Form einer wissenschaftlichen Schrift (Masterarbeit) in der Lage, in dieses Thema einzuführen, ihre Ergebnisse zu schildern und zu dokumentieren und sie im Lichte der relevanten Literatur zu interpretieren und zu diskutieren. Sie sind außerdem befähigt, ihre Masterarbeit als wissenschaftlichen Vortrag zu präsentieren und zu verteidigen und dabei auch Fragen zum Thema sowie zu Randgebieten zu beantworten (Abschlussprüfung).					
<b>Inhalte</b>					
Masterarbeit: Verfassung einer wissenschaftlichen Schrift zum Thema. Abschlussprüfung: Präsentation der Ergebnisse als Vortrag (Länge ca. 20 Minuten), mündliche Verteidigung und Beantwortung auch randständiger Fragen, max. Prüfungsdauer 45 min.					
<b>Gruppengröße</b>					
1					
<b>Verwendbarkeit</b>					
<b>Prüfungsformen und Leistungen</b>					
Masterarbeit: schriftliche Ausarbeitung; Abschlussprüfung: mündliche Prüfung Die Gewichtung des Moduls ist 1,5-fach					
<b>Turnus der Veranstaltungen</b>					
Das Modul wird bei Bedarf angeboten					
<b>Modulverantwortliche</b>					
Lehrende der Informatik					