



# STUDIENGANGSDOKUMENTATION

## MASTERSTUDIENGANG BIOINFORMATIK

Gemeinsamer Studiengang mit LMU München

Fakultät für Informatik, Technische Universität München

30.11.2015

## 1 Formale Angaben zum Studiengang

<b>Bezeichnung:</b>	Bioinformatik
<b>Organisatorische Zuordnung:</b>	TU München/LMU München Fakultät für Informatik
	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Prüfungswesen: Fakultät für Informatik der TUM</li> <li>• Eignungsverfahren: Fakultät für Mathematik, Informatik und Statistik der LMU</li> <li>• Immatrikulation: LMU München</li> </ul>
<b>Abschluss:</b>	Master of Science (M.Sc.)
<b>Regelstudienzeit (ECTS):</b>	4 Semester / 120 Credits 68-76 SWS
<b>Studienform:</b>	Vollzeit
<b>Zulassung:</b>	Eignungsverfahren
<b>Starttermin:</b>	Wintersemester 2000/01
<b>Sprache:</b>	Deutsch
<b>Studiengangsverantwortliche/-r:</b>	Vorsitzender des Prüfungsausschusses Prof. Dr. Burkhard Rost (Informatik, TUM)
<b>Ergänzende Angaben für besondere Studiengänge:</b>	<p>Es handelt sich um einen der wenigen (2 Bioinformatik, 2 Geowissenschaften) gemeinsamen Studiengänge der Ludwig-Maximilians-Universität München und der Technischen Universität München. Der interdisziplinäre Studiengang wird von fünf Fakultäten angeboten und implementiert:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Fakultät für Informatik, TUM</li> <li>• Wissenschaftszentrum Weihenstephan (WZW), TUM</li> <li>• Fakultät für Mathematik, Informatik und Statistik, LMU</li> <li>• Fakultät für Biologie, LMU</li> <li>• Fakultät für Chemie und Pharmazie, LMU</li> </ul> <p>Am Studiengang sind seit der Einrichtung zum WS 2000/2001 im Rahmen des DFG Zentrum Bioinformatik auch das Helmholtz Zentrum München und das Max-Planck Inst. f. Biochemie in Martinsried beteiligt.</p>
<b>Ansprechperson(en) bei Rückfragen:</b>	<p>TUM/LMU (Schriftführerin): Willemijn van Gemert &lt;gemert@in.tum.de&gt; TUM-IN: Burkhard Rost &lt;assistant@rostlab.org&gt; TUM-WZW: Hans-Werner Mewes &lt;w.mewes@mytum.de&gt; LMU: Ralf Zimmer Ralf.Zimmer@ifi.lmu.de LMU (Studiengangskoordinator):</p>

Volker Heun [Volker.Heun@ifi.lmu.de](mailto:Volker.Heun@ifi.lmu.de)

Vorbemerkung: Nach Art. 3 Abs. 2 des Grundgesetzes sind Frauen und Männer gleichberechtigt. Maskuline Personen- und Funktionsbezeichnungen in diesem Dokument gelten daher für Frauen und Männer in gleicher Weise.

## 2 Ziele

### 2.1 Studiengangsziele

Die Bioinformatik stellt sich der Herausforderung der systematischen Bearbeitung biologischer Daten durch geeignete theoretische Verfahren und Algorithmen. Moderne Technologien der molekularen und zellulären Biologie generieren große, komplexe, hoch informative Datenmengen. Mit dem Ziel, diese Daten zu explorieren, steht die Bioinformatik im Mittelpunkt der Wertschöpfung von der Grundlagenforschung bis hin zu datenbasierten Methoden der medizinischen Diagnose und Therapie. Ihre Aufgabe ist die Analyse und Interpretation biologischer Daten im Kontext biologischen Wissens. So ermöglicht Bioinformatik, die DNA-kodierten Baupläne der Organismen zu entschlüsseln und ihre funktionelle Bedeutung zu verstehen. Die Komplexität höherer Organismen und ihrer vielfältigen Regulationsmechanismen (Genetik, Epigenetik, prä- und post-translationale Regulation, nicht-kodierende RNA) ist nicht deskriptiv, sondern nur strukturiert erfassbar. Ziel des Masterstudiengangs ist es, Kenntnisse zur Entwicklung und Anwendung bioinformatischer Methoden und Infrastrukturen zu vermitteln. Gegenstand dieser Methoden sind die biomedizinische Grundlagenforschung, die mathematische Modellierung biologischer Prozesse, die Biotechnologie und die klinische Forschung einschließlich der Entwicklung innovativer diagnostischer und therapeutischer Verfahren.

Die Bioinformatik schafft die Voraussetzungen für die Anwendung von Hochdurchsatztechnologien in Forschung und klinischem Alltag. Hochdurchsatztechnologien erfassen, alternativ zu klassischen Experimenten, Datenräume durch Anwendung von sog. „omics-Technologien“<sup>1</sup> wie der quantitativen Messung der Gen- und Proteinexpression oder des Metaboloms. Diese Datenräume sind hoch komplex, ihre Modellierung sowie die Integration heterogener Informationsquellen stellen große Herausforderungen an die Datenanalyse.

Bioinformatiker, Biologen und Mediziner kooperieren interdisziplinär. Die Bioinformatik erfüllt eine wichtige Brückenfunktion zwischen den Disziplinen. Daten sind die Währung der modernen Biologie, Bioinformatiker sind so etwas wie die *Finanzwissenschaftler der Biologie*. Der Studiengang mit seiner vielseitigen, Forschung und Technologie gleichermaßen berücksichtigenden Ausbildung, setzt sich die Vernetzung experimenteller Daten mit biomedizinischem Wissen zum Ziel und öffnet Wege zu ihrer Nutzung.

#### **DFG erkennt Lehre und Forschung in der Bioinformatik als essenzielle Aufgabe.**

*„Bioinformatik ist eine noch junge, sich rasch entwickelnde interdisziplinäre Wissenschaft, in der Kenntnisse und Methoden der Biologie, der Chemie und Pharmazie und der Informatik zusammengeführt werden, um die gewaltigen Mengen an Informationen*

---

<sup>1</sup> Unter „omics“ verstehen wir Daten zu einer bestimmten Klasse von Biomolekülen oder zu Biomolekülen mit bestimmten Eigenschaften, so bezieht sich „Transkriptomics“ auf die Menge aller von der DNA in RNA transkribierten Moleküle. „omics“ bezeichnet die Gesamtmenge aller individuellen „omics“ Klassen.

aus den weltweiten Bemühungen um die Entschlüsselung der Erbanlagen von Mikroorganismen, Pflanzen und Tieren bis hin zum Menschen (Humangenomprojekte) zu ordnen, in Beziehung zueinander zu setzen und für Anwendungen, etwa in der Medizin, nutzbar zu machen.“ (Pressemitteilung der DFG vom 1. September 2000 zum Förderprogramm Bioinformatik, das zur Grundlage des Münchner Studiengangs wurde. Sie hat wenig an Aktualität verloren).

**Bioinformatik in München (BIM).** Seit über 14 Jahren verfolgen die Studiengänge Bioinformatik (Bachelor und Master) das Ziel einer exzellenten, umfassenden Ausbildung erfolgreich (Beginn WS 2000/01). Durch Koordinierung der Aktivitäten an den Eliteuniversitäten (LMU und TUM) und lokalen Forschungszentren (MPI f. Biochemie, Helmholtz Zentrum München) hat BIM in seinem Umfeld eine höchst produktive, florierende und wachsende Forschergemeinde in den Disziplinen Bioinformatik und Systembiologie entwickelt, die Studierende der Bioinformatik an relevante Forschungsthemen heranführt.

## 2.2 Strategische Bedeutung des Studiengangs

Die Lebenswissenschaften des 21. Jahrhunderts sind daten- und technologiegetrieben. Der Zugang zu molekularen Informationen ermöglicht das Verständnis grundlegender biologischer Mechanismen und eröffnet Chancen für die personalisierte, präzise Diagnose und Therapie menschlicher Erkrankungen. Wir erleben eine grundlegende Revolution der Lebenswissenschaften mit weitreichenden sozialen, ökonomischen, und ökologischen Konsequenzen, die alle Bereiche unserer modernen Gesellschaft betreffen.

Bereits in wenigen Jahren wird die Genomanalyse Routine in der medizinischen Diagnose sein (genetische Disposition und Risikoanalyse). Leben und Altern, die Erhaltung der Gesundheit, die gezielte, individuelle Therapie von Erkrankungen, die Erhaltung der Umwelt und die Fürsorge für eine alternde Gesellschaft sind die großen wissenschaftlichen und sozialen Herausforderungen des 21. Jahrhunderts. In keinem anderen Bereich der Wissenschaft beeinflussen wissenschaftliche Erkenntnisse so nachhaltig und unmittelbar das Leben der Menschen. Diabetes, Neurodegeneration, chronische Herz-Kreislauf- und Lungenerkrankungen sowie Krebs sind zu einer stetig wachsenden Belastung der alternden Gesellschaft und des Gesundheitssystems geworden.

Gesellschaft, Wissenschaft und Wirtschaft diskutieren die Chancen und Risiken einer informationsbasierten Medizin, besonders im Hinblick auf die Rolle der Genetik für eine personalisierte, präventiv ausgerichtete und effiziente, Therapie.<sup>2</sup> De facto sind alle medizinischen Disziplinen betroffen, insbesondere bei der Verknüpfung von Daten der klinischen Versorgung mit den Ergebnissen wissenschaftlicher Studien. Beispiele sind die Auswertung großer internationaler Kohorten zur Untersuchung von Volks-

---

<sup>2</sup> Siehe z.B. die Stellungnahme der Leopoldina "Lebenswissenschaften im Umbruch", 2014 oder Fördermaßnahmen Bioinformatik, Personalisierte Medizin und Medizininformatik des BMBF und der EU

krankheiten, die präzise selektive Behandlung von Tumoren ebenso wie die Aufklärung von Ursachen einer großen Zahl von seltenen, erblich bedingten Erkrankungen.

Wie keine andere Disziplin spiegelt die Bioinformatik an der Schnittstelle zwischen Biologie und Informatik den Innovationsfortschritt in den Lebenswissenschaften der letzten 20 Jahre wieder. Ihr Beitrag zur Analyse des Humangenoms hat die molekulare Medizin erst ermöglicht. Sie verknüpft die interdisziplinären Forschungsschwerpunkte Gesundheit und Ernährung, Umwelt, Infrastruktur und Information. Es ist Aufgabe des Masterstudiengangs Bioinformatik (BIM-MS) der Münchner Universitäten und der beteiligten Forschungszentren, den wissenschaftlichen Fortschritt den Studierenden zu vermitteln und der Verpflichtung einer nachhaltigen, verantwortungsbewussten Forschung zur Erhaltung und Verbesserung unserer Lebensqualität nachzukommen. Die interdisziplinäre Ausbildung der Studierenden steht im Mittelpunkt. Interdisziplinarität verbindet Lehre und Forschung der fünf beteiligten Fakultäten beider Universitäten. Der mit der LMU gemeinsam aufgebaute Studienplan, die abgestimmten, sich ergänzenden Lehreinheiten und die aktive Unterstützung der Informatik sowie der biologischen und mathematischen Fakultäten setzen die Studienziele um.

Interdisziplinäres Denken und Arbeiten ist Voraussetzung, um komplexe Systeme zu verstehen. Internationale Konsortien arbeiten daten- und wissensbasiert, moderne Informationstechnologien vernetzen biologische Daten und biologisches Wissen. Ohne Bioinformatik, ihre ständige Anpassung an neue Konzepte und Technologien, ihre wichtige Rolle als Forschungsinfrastruktur und ihre Rolle zur Extraktion von Wissen aus Daten ist molekulare Biomedizin undenkbar. Weltweit werden intensive Anstrengungen unternommen, Bioinformatik zu fördern. Der Münchner Studiengang hat hier Pionierarbeit geleistet.

Für die Region München ist die Bioinformatik eine unabdingbare strategische Notwendigkeit im Wettbewerb mit den Regionen Heidelberg und Berlin. Dort wurde die Grundlagenforschung in der molekularen Medizin in den letzten 10 Jahren massiv gefördert (DKFZ und EMBL in Heidelberg, BIMBS und Charité in Berlin). Ihr hohes transdisziplinäres Potential in den Bereichen „Big (biological) Data“, den medizinischen Forschungsschwerpunkten Ernährung, Krebs, Diabetes, Lunge und der anwendungsorientierten Grundlagenforschung als Hochtechnologiestandort weist der Bioinformatik eine Schlüsselrolle zu. Ihre Aufgabe ist es, Exzellenz zu bewahren und innovative, fakultätsübergreifende Konzepte zu fördern. Dabei ist die Ausbildung des *qualifizierten wissenschaftlichen Nachwuchses* im Masterstudiengang der Schlüssel zum Erfolg.

Forschungsthemen der Bioinformatik orientieren sich an den Leitlinien einer humanen Gesellschaft der Zukunft, die wissenschaftliche Erkenntnisse in anwendungsorientierte Technologien umsetzt. Die Bioinformatik ist geradezu ein Prototyp für die offene, fruchtbare Kooperation von Fakultäten und Lehrstühlen beider Universitäten. Sie ist Teil nationaler und internationaler Forschungsnetzwerke (DFG, BMBF, EU), repräsentiert durch hochrangig, international ausgewiesene Wissenschaftler mit Schwerpunkten hochaktueller *Forschungsschwerpunkte* (I. Antes, Drug Modeling; C. Friedel, Datenanalyse von Hochdurchsatzverfahren; D. Frishman, Genom- u. Strukturbiologie; V.

Heun, Algorithmische Bioinformatik; D. Metzler, Statistische Genetik; H.W. Mewes, Funktionelle Genomanalyse, Metabolische Krankheitsnetzwerke; B. Rost, Molekül- und Systemvorhersagen; F. Theis, Systembiologie; R. Zimmer, Algorithmische Bioinformatik). In der Informatik wird stärker die methodische Seite der Entwicklung von Modellen, Algorithmen und Datenstrukturen betont, die Mathematik wendet formale und statistische Verfahren zur Systemmodellierung an, während in den Lebenswissenschaften der Schwerpunkt im Bereich von Genomanalyse, genetischer Varianz und Strukturbiologie liegt. In naher Zukunft soll am WZW ein Schwerpunkt zur Analyse von \*omics Daten durch eine Neuberufung gestärkt werden.

Als noch junge, dynamische Disziplin baut Bioinformatik Brücken zwischen Hochdurchsatztechnologien und der Translation biomedizinischen Wissens in die klinische Forschung und das Gesundheitswesen. Die Evaluierung des WZW der TUM (Nov. 2014) bewies, welche Bedeutung die Bioinformatik für die Fakultät und ihre Entwicklung hat, ihre Verstärkung wurde ausdrücklich empfohlen<sup>3</sup> und soll mit einer vorgezogenen W3 Berufung vollzogen werden.

Die Beteiligung der Bioinformatik Lehrstühle an den vom BMBF geförderten M4-Spitzen- und Exzellenzclustern und die Vernetzung in Forschungsfeldern wie Krebs, Diabetes und Lunge unterstreichen die strategische Bedeutung des Studiengangs. Ohne die Ausbildung qualifizierter Masterabsolventen, ihre Beiträge zur Forschung und die folgenden Promotionen der Absolventen des Studiengangs wären die wissenschaftlichen Erfolge nicht möglich. Seit 2001 waren Studierende und Absolventen des Masterstudiengangs Bioinformatik an mehr als hundert Fachpublikationen in internationalen Journalen als Autoren und Ko-autoren beteiligt.

Das Lehrportfolio des Masterstudiengangs umfasst neben einigen Kernmodulen ein breites Spektrum an allgemeinen und spezialisierten Lehrmodulen, die sowohl von den drei Lehrstühlen der Bioinformatik als auch den fünf beteiligten Fakultäten beider Universitäten angeboten werden. Weitere Module aus der Mathematik, der Statistik, den Lebenswissenschaften und der Medizin können als Studienleistungen eingebracht werden. Damit werden die Voraussetzungen für ein offenes, sich ständig weiter entwickelndes Angebot geschaffen, das den Studierenden ein Maximum an Flexibilität und der Möglichkeit der frühzeitigen Fokussierung auf ein Master- oder Promotionsthema erlaubt.

Die Bioinformatik hat den höchsten Anteil an Frauen in den Informatikdisziplinen (mehr als dreimal so hoch im Masterstudiengang Bioinformatik im Vergleich zum Masterstudiengang Informatik). Diese Quote steigt mit zunehmender Qualifikation.

Ein hoher Grad an Internationalisierung ergibt sich aus der stark angelsächsisch geprägten jungen Tradition der Bioinformatik mit ihren Wurzeln in den USA in den 80er und 90er Jahren. Alle Modulmaterialien im Kernbereich Bioinformatik werden in Eng-

---

<sup>3</sup> "The plan to establish a professorship in bioinformatics/computational 'omics is highly appropriate." Evaluation report Wissenschaftszentrum Weihenstephan, 2015



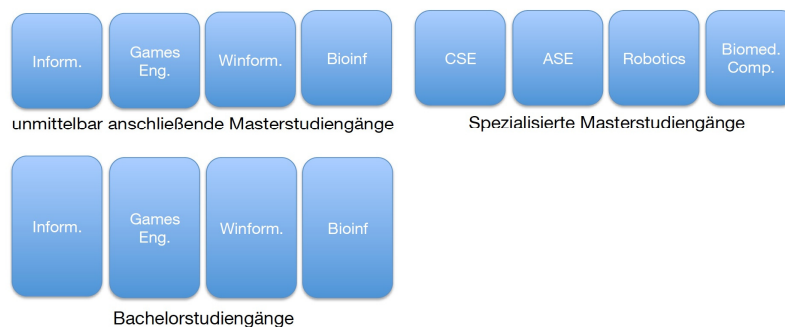
lich erstellt. Vorträge, Seminare und das bioinformatische Kolloquium finden auf Englisch statt, die Internationalisierung weiterer Module im Kernbereich Bioinformatik ist geplant bzw. wird in Abstimmung mit den Studierenden bei Bedarf in Englisch abgehalten.

**Historie:** Die im Jahr 2000 gemeinsam von der LMU und der TUM eingerichteten Bioinformatik Studiengänge (BIM-BS & BIM-MS, bis 2007 BIM-Diplom) gehören zu den forschungsorientierten Studiengängen und erlauben eine stärkere thematische Fokussierung als dies in traditionellen Masterstudiengängen der Informatik oder Biologie möglich ist. Seither hat der Studiengang mehrere hundert erfolgreiche Studienabschlüsse verzeichnet. Die Absolventen werden auf einer jährlichen Abschlussveranstaltung feierlich verabschiedet.

Die Bioinformatik Studiengänge (BIM-BS und BIM-MS) tragen damit erheblich zum intra- und extrauniversitären Wachstum in den Bereichen Bioinformatik, Biotechnologie und Biomedizin bei.

**Einbindung in die TUM Informatik:** Die Technische Universität München (TUM) hat als eine der ersten deutschen Universitäten einen Studiengang Informatik angeboten. Die Bachelor- und Masterstudiengänge der Informatik haben sich zunächst parallel zum Diplomstudiengang entwickelt, ergänzen diesen seit 2003 und haben ihn 2010 vollständig abgelöst. Die TUM Informatik bietet 12 verschiedene Studiengänge an (Fig. 1).

#### Bachelor- und Masterstudiengänge an der Fakultät für Informatik



**Fig. 1 Informatik Studiengänge an der TUM Informatik**

Die 2000 gemeinsam mit der LMU, dem Helmholtz Zentrum München und dem Max-Planck Institut für Biochemie Martinsried eingerichteten Bioinformatik Studiengänge (BIM-BS & BIM-MS) waren die ersten, die das Spektrum der Informatik um anwendungsorientierte Disziplinen erweitert haben. 2001 hat sich mit dem starken Ausbau der Informatik Fakultät in Richtung Wirtschaftsinformatik (Bachelor- und Master) ein weiterer interdisziplinärer Pfeiler etabliert. Die spezialisierten Masterstudiengänge *Computational Science and Engineering* (CSE, seit 2001), *Automotive Software Engineering* (ASE, seit 2009), *Robotics, Cognition, Intelligence* (seit 2009) und *Biomedical Computing* (seit 2009) erlauben Bachelorabsolventen eine stärkere Fokussierung, als dies im klassischen Masterstudium Informatik möglich ist, und eröffnen zudem auch Absolventen anderer Bachelorstudiengänge die Perspektive eines informatiknahen

Abschlusses. Seit 2011 bietet die Fakultät mit dem Bachelorstudiengang Informatik: Games Engineering einen weiteren grundständigen Studiengang an, der seit dem Wintersemester 2014/15 um einen Masterstudiengang ergänzt wird.

An der LMU werden Bachelor- und Masterstudiengänge in Informatik, Bioinformatik (gemeinsam mit der TUM) und Medieninformatik angeboten. Die Informatikstudiengänge können mit einem breiten Spektrum von Nebenfächern (30 oder 60 ECTS) sowie mit integrierten Anwendungsfächern (Mathematik, Statistik und Computerlinguistik) studiert werden. Zusätzlich gibt es Informatik als Nebenfach anderer Fächer. Die Medieninformatik ist ein eigenständiger Bachelorstudiengang und wird als Masterstudiengang mit mehreren Anwendungsfächern (Kommunikationswissenschaft, Mediengestaltung, Medienwirtschaft), zusätzlich der Masterstudiengang Mensch-Maschine-Interaktion) angeboten. Die Bioinformatik bietet in diesem Zusammenhang neben einer soliden Informatikausbildung eine starke biologische Säule und umfasst das neue Fachgebiet der Bioinformatik und profiliert sich dadurch gegenüber einem Informatik oder Medieninformatik Masterstudiengang, einem Informatik Studium mit Biologie Nebenfach oder einem Biologie Studium mit Informatik als Nebenfach.

## 2.3 Zielgruppen

Die Zielgruppe für den Studiengang Master Bioinformatik (BIM-MS) sind Studierende, die aufbauend auf den im Bachelorstudiengang erworbenen fundierten Kenntnissen in den Bereichen Bioinformatik, Biologie und Informatik ihr Wissen und Verständnis spezieller Methoden und Anwendungen weiter vertiefen und sich spezialisieren möchten. BIM-MS Studierende wollen die wissenschaftliche Methodik der Bioinformatik in Theorie und Praxis umfassend verstehen, anwenden und weiterentwickeln; viele wollen künftig wissenschaftlich arbeiten.

BIM-MS Bewerber haben sowohl Interesse an biologischen Fragestellungen als auch ein Verständnis für abstrakt-logische Zusammenhänge. Voraussetzung zur Zulassung ist ein abgeschlossenes Studium im BIM-BS Studiengang oder ein äquivalenter Abschluss, der zum Nachweis der erforderlichen Kompetenzen geeignet ist (z.B. die Bachelor-Studiengänge in Tübingen, Frankfurt, Saarbrücken). Es werden umfassende vertiefte Grundkenntnisse der Bioinformatik, der Informatik und Mathematik sowie Biologie und Biochemie verlangt. Diese Fähigkeiten werden im Eignungsverfahren (EV) geprüft. Dabei wird vor allem auf interdisziplinäres Denken und Abstraktionsvermögen Wert gelegt. Bewerber sollen die im Bachelorstudium erworbene Kompetenz, Lösungen individueller Aufgaben zu verallgemeinern, verfügbare Werkzeuge und Ressourcen zu nutzen nachweisen und in der Lage sein, die aktuelle Entwicklung anhand der Literatur zu verfolgen. Wünschenswert sind Kenntnisse der Genom- und Funktionsanalyse, der Netzwerktheorie sowie die Kenntnis grundlegender Algorithmen sowie die Fähigkeit zur Nutzung von Programmier- und Statistikwerkzeugen. Unabdingbar ist solides mathematisches und informatisches Grundwissen, das im Bachelorstudiengang vermittelt wurde. Wichtig sind kommunikative Fähigkeiten, die Bereitschaft interdisziplinär mit Biologen und Medizinern zu kooperieren und zugleich über technische Kompetenz zu verfügen (sicherer Umgang mit Programmierwerkzeugen, struktu-

rierte Programmierung, praktische Kenntnisse im Systemmanagement, sowie Fähigkeiten zum Projektmanagement). Das EV wird individuell abgehalten (Interview, ca. 30 min, durchgeführt vom Bioinformatiklehrstuhl der Fakultät für Mathematik, Informatik und Statistik der LMU unter Mitwirkung der TUM Bioinformatik Professoren). Unter Umständen wird externen Bewerbern empfohlen, bestimmte Module des BIM-BS Studiengangs zu besuchen. Im Zuge dieses Verfahrens wird ggf. überprüft, ob Gründe für die Feststellung der Äquivalenz eines anderen Bachelor-Abschlusses vorliegen.

Der Masterstudiengang richtet sich auch an internationale Studierende mit ausreichenden Deutschkenntnissen. Seminare, Praktikumsberichte, Abschlussarbeiten werden zu etwa 80% in englischer Sprache verfasst. Englische Sprachkenntnisse sind unabdingbar, darauf wird im Zulassungsverfahren hingewiesen; die relevante Literatur, sowohl in der Bioinformatik als auch in den Lebenswissenschaften generell ist ausschließlich auf Englisch verfügbar, sämtliche Unterrichtsmaterialien und Präsentationsfolien werden daher in Englisch erstellt. In den Praktika werden die Masterstudierenden mit der wissenschaftlichen Praxis konfrontiert; die Internationalisierung wird durch die Betreuung der Praktika durch internationale Postdocs besonders gefördert. In Zukunft wird eine wachsende Zahl der Module auf Englisch angeboten. In bestimmten Bereichen, wie z.B. an den Bioinformatiklehrstühlen von LMU und TUM, werden alle Module in Abstimmung mit den Studierenden bei Bedarf auf Englisch abgehalten.

### 3 Qualifikationsprofil

Die Bioinformatik baut auf den theoretischen Grundlagen der Informatik, Chemie, Physik, und Mathematik auf. Sie entwickelt Methoden zur Analyse und Interpretation biologischer Daten, insbesondere für Molekularbiologie und Medizin. Ziel des *Bioinformatik München Master Studiums (BIM-MS)* ist es, die Absolventen zu eigenständigen wissenschaftlichen Arbeiten zu befähigen. Sie sind in der Lage, Fragestellungen der biologischen Forschung in den analytischen Datenraum zu übertragen, Forschungshypothesen mit statistischen Methoden und mechanistischen Modellen zu überprüfen, durch die Interpretation der Daten neue Hypothesen zu generieren und die Ergebnisse ihrer Analysen adäquat zu publizieren. Ihre Befähigung schließt die Planung und Durchführung des gesamten wissenschaftlichen Prozesses, von der Aufarbeitung des verfügbaren biologischen Wissens, der Planung der Experimente, der Datenerfassung und des Datenmanagements, der Anwendung mathematisch-analytischer Algorithmen und der Interpretation der Ergebnisse im Wissenskontext ein. Die Ausbildung versetzt Absolventen in die Lage, mit den Kollegen innerhalb der Disziplin, mit den kooperierenden Partnern aus den Lebenswissenschaften, der Informatik, der Mathematik aber auch mit interessierten Laien zu kommunizieren.

Im Gegensatz zum einführenden Bioinformatik Bachelor Studium (BIM-BS) sind Absolventen des BIM-MS in der Lage sein, eigenständig biologische Fragestellungen mit bioinformatischen Methoden zu bearbeiten. Allein die Anwendung bekannter Lösungen reicht nicht aus, den ständig wachsenden Anforderungen zu begegnen. In ihrer Masterarbeit leisten die Studierenden bereits Beiträge zu international publizierten

Forschungsarbeiten experimenteller Arbeitsgruppen. Dabei ist entscheidend, dass Absolventen Lösungswege finden und Methoden entwickeln können.

Masterstudenten erwerben Fähigkeiten, die sie in die Lage versetzen, selbstständig und in Kooperation mit experimentellen und klinischen Partnern komplexe Daten zu bearbeiten und im Kontext aktuellen biologischen Wissens zu verstehen. Sie sind zur Lösung dieser Aufgaben in der Lage, große und komplexe Datenmengen zu bearbeiten und mit mathematischen und statistischen Werkzeugen zu interpretieren, Technologien der Datenintegration anzuwenden, bioinformatische Werkzeuge einzusetzen und die entsprechenden Methoden und Anwendungen weiterzuentwickeln. Beispiele sind die Nutzung von öffentlichen Ressourcen wie Nukleinsäure- und Proteinstrukturdatenbanken, die Prozessierung molekularer klinischer Daten, und von Daten aus Populationsstudien wie der Nationalen Kohorte (NaKo). Der Bezug zur aktuellen Forschung steht dabei im Mittelpunkt.

Die Master-Absolventen der Bioinformatik München (BIM) verfügen über vertiefte Kenntnisse der Informatik, der Biologie/Biochemie, den experimentellen Technologien und der Bioinformatik. Eine große Zahl von Wahlmodulen wird angeboten, um ein breit angelegtes Qualifikationsprofil zu gestalten, und zwar mit den folgenden Schwerpunkten:

- Die Aneignung von Technologien und Werkzeugen zur Datenanalyse und –interpretation
- Den Erwerb der Fähigkeit bestehende Methoden anzupassen und neue Methoden hieraus zu entwickeln (Beispiele Struktur/Funktionsbeziehungen von Proteinen, regulatorische Netzwerke, genetische Ursachen von Erkrankungen)
- Den Erwerb der Fähigkeit zum selbstständigen wissenschaftlichen Arbeiten (dies schließt den Erwerb der Fähigkeit zur Planung, Durchführung und Interpretation wissenschaftlicher Experimente und der Interpretation der Ergebnisse ein)
- Die aktive Beteiligung an wissenschaftlichen Forschungsprojekten
- Die Förderung der Fähigkeit zur interdisziplinären Kooperation
- Den Erwerb von sozialen Kompetenzen wie Projektplanung, Rhetorik, Organisation
- Die Fähigkeit zum selbstständigen, eigenverantwortlichen Handeln, zur Urteils- und Entscheidungsfähigkeit.

Zum Qualifikationsprofil gehören Kenntnisse und Kompetenzen der Bioinformatik, dazu gehören insbesondere Kenntnisse der Informatik und der verwendeten Algorithmen, der Informations-, Kommunikations- und Softwaretechnologien, ebenso wie das grundlegende Verständnis biologischer Prozesse, insbesondere der Genetischen Grundlagen, der biologischen Interaktions- und Regulationsnetzwerke. Absolventen können Algorithmen und Datenstrukturen entwerfen und analysieren, verfügen über die notwendigen theoretischen Kenntnisse mathematischer und statistischer Modelle und Methoden und können diese Formalismen für eine konkrete Problemstellung anwenden (z. B. klinische Studien, Analyse von Hochdurchsatzdaten, Struktur- und Funktionsvorhersage von Proteinen, Expressionsanalyse, Genregulation, etc.). Ihre praktischen Fähigkeiten ermöglichen es, Informationstechnologien und bioinformati-

sche Lösungen für die akademische, klinische und industrielle Forschung zu entwerfen und zu implementieren.

Im Bereich der molekularen Biologie und Biochemie sind die Absolventen in der Lage, biologische Fragestellungen zu verstehen, zu abstrahieren und durch Anwendung bioinformatischer Methoden zu bearbeiten. Beispielhaft sei die Vorhersage der Sekundärstruktur von RNA-Molekülen genannt. Die Ausbildung von sog. Hairpins oder Loops ist entscheidend für Stabilität und zelluläre Funktion. Die Entwicklung und Bewertung geeigneter Algorithmen stellt ein intensiv bearbeitetes Forschungsgebiet der Bioinformatik dar. Absolventen können den Dialog mit Biologen und Medizinern führen und die Aussagefähigkeit experimenteller Methoden bewerten. Sie sind den Herausforderungen gewachsen, mit komplexen biologischen Daten umzugehen, sie zu analysieren und zu interpretieren.

Die erworbenen Grundlagen versetzen die Absolventen in die Lage, sowohl mit der Entwicklung der technischen Möglichkeiten auf Seiten der Informatik als auch mit den umfangreichen Datensätzen aus einer wachsenden Zahl von experimentellen Technologien umzugehen (z.B. Sequenzierung, Strukturbiologie, Expressionsanalyse, Populationsgenetik) und ihr Wissen auf dem aktuellen Stand zu halten. Zum Beispiel spielt die Sequenzdatenanalyse eine zentrale Rolle bei der Suche nach krankheitsrelevanten genetischen Mutationen. Ererbte Risiken (Herz-Kreislauf, Diabetes, Krebs) und somatische Mutationen können kausal nur durch die bioinformatische Analyse der genetischen Information aufgeklärt werden.

Mit den Konzepten aus Biologie und Informatik vertraut, bilden Bioinformatiker die Schnittstelle zwischen Experiment und Daten, sie ermöglichen interdisziplinäre Kooperationen.

**Fachkompetenzen:** Absolventen können Aufgabenstellungen der biologischen Datenanalyse präzise beschreiben, Lösungswege entwickeln und etablierte Strategien umsetzen. Sie können die Ergebnisse der Analyse biologischer Daten bewerten und deren Verlässlichkeit abschätzen und hinsichtlich des Standes der Wissenschaft einordnen. Sie sind damit in der Lage, Lebenswissenschaftler bei der Planung neuer Experimente zu beraten bzw. diese zu entwickeln. Bioinformatiker übernehmen daher in interdisziplinären Arbeitsgruppen häufig Schlüsselpositionen. Insbesondere sind Absolventen in der Lage, selbständig mit Biowissenschaftlern zu kooperieren und mit bioinformatischen Methoden Erkenntnisse zu gewinnen, die in internationalen Journalen publiziert werden. Sie haben einen guten Überblick über den Stand der Wissenschaft und die etablierten Methoden der Bioinformatik.

**Methodenkompetenzen:** Absolventen verstehen die theoretischen Grundlagen der eingesetzten Konzepte und Algorithmen. Sie können diese in der Praxis adäquat anwenden und ggf. weiterentwickeln. Sie verstehen die in der Bioinformatik verwendeten Repräsentationsformen und Datenformate und können diese anpassen und weiterentwickeln. Sie verstehen die wichtigsten in der Bioinformatik eingesetzten Werkzeuge und Softwarepakete und können diese zielgerichtet anwenden (z.B. „R“, Matlab, Genome Browser). Sie sind in der Lage, experimentelle Projekte aktiv und zeitnah in Pla-

nung, Durchführung und Auswertung zu unterstützen. Sie sind in der Lage, grafische Interfaces für die interaktive Auswertung von Daten zu gestalten. Die gewonnenen Ergebnisse können je nach Erfordernis aus theoretischer oder praktischer Sicht sowohl für Informatiker als auch für Biologen auf wissenschaftlichem Niveau verständlich dargestellt werden. Während die BIM-BS Absolventen Methoden und Konzepte als „bekannt erkennen“ müssen, beherrschen BIM-MS Absolventen diese Methoden so sicher, dass sie in der Lage sind zu entscheiden, ob ein vorliegendes Problem nur durch die Entwicklung einer neuen Methode erreicht werden kann, oder durch die Anpassung existierender Methoden gelöst wird.

Typische Arbeitsgebiete sind die Organisation und Administration der Bioinformatik-IT in der biomedizinischen Forschung. Die molekularen Diagnosen, die nur algorithmisch interpretiert werden können, stellen vor allem die klinische Forschung vor neue Anforderungen. Daten im Petabyte-Bereich (z.B. Bildgebung, individuelle Genetik, Tumorforschung) erfordern die Implementierung völlig neuartiger Infrastrukturen für die molekulare Diagnostik, bestehend aus komplexen Datenrepositorien und entsprechenden Analysewerkzeugen bis hin zur Datenintegration im Sinne von „Big Data“. Ähnliche Qualifikationen erfordert die Forschung der Agro- und Pharmaindustrie. Die Absolventen des MS-Studiengangs sind durch ihre Ausbildung in der Lage, diese Aufgaben qualifiziert zu erfüllen, um aus Rohdaten Information und Wissen zu generieren. Hinzu kommt die Fähigkeit, Strukturen und statistische Signifikanzen in großen Datensätzen (Big Data) zu erkennen und diese zu verstehen.

**Sozialkompetenzen:** Absolventen können in interdisziplinären Projektgruppen arbeiten. Dabei beherrschen sie die Kommunikation in der engeren Gruppe mit anderen Teilprojekten sowie mit Kooperationspartnern im rein informatischen oder rein biologischen Umfeld. Sie sind dialogfähig und in der Lage, die unterschiedlichen Konzepte der biologischen Fragestellung und der Datenanalyse zu vermitteln, Lösungswege aufzuzeigen und können bereits in der Planung gemeinsam mit den Biomedizinern Schwächen des experimentellen Designs erkennen.

**Selbstkompetenzen:** Absolventen des Masterstudiengangs können gestellte Aufgaben selbstständig und zielgerichtet bearbeiten, sie sind mit den Regeln der guten wissenschaftlichen Praxis vertraut. Sie verfügen über eine selbstbewusste, selbstkritische Einschätzung ihres Potentials und ihrer Kapazität.

## 4 Bedarfsanalyse

### 4.1 Nachfrage der Absolventen auf dem Arbeitsmarkt

Mit der intensiven Anwendung von Hochdurchsatztechnologien wachsen die Datenmengen um mehrere Größenordnungen. Es wird geschätzt, dass in wenigen Jahren ein Krankenhaus der regionalen Versorgung ca. 700 Terabyte Daten pro Jahr generieren wird, vor allem Daten aus neuen diagnostischen Verfahren (Genomanalyse, Sequenzierung, Metabolomics). Dabei wird die Betreuung der Bioinformatik zum Engpass, weil der Bedarf an qualifizierten Bioinformatikern kaum gedeckt werden kann.

Die Komplexität der Aufgaben erfordert immanentes interdisziplinäres Denken im Gegensatz zu den klassischen Aufgaben der Chemie oder der Physik. Die Anforderungen der Bioinformatik bezüglich der Fähigkeiten ihrer Absolventen „Welten zu vernetzen“ sind nicht nur ungewöhnlich hoch, sondern auch in hohem Maß essentiell für die Berufspraxis. Die Erfahrung von mehreren Hundert Studienabschlüssen in der Bioinformatik zeigt, dass Absolventen diese Qualifikationen und Fähigkeiten erworben haben. Sie erfüllen den Bedarf des Arbeitsmarkts nach technischer Kompetenz und der Befähigung zum wissenschaftlichen Arbeiten. Die Fähigkeit zur Exploration großer Datenmengen entscheidet über die wirtschaftliche Nutzung biologischer Ressourcen bis hin zur personalisierten Medizin, Daten sind das Kapital des 21. Jahrhunderts.<sup>4</sup> Beispiele sind das Datenmanagement in nationalen und europäischen Forschungsverbänden. In zahlreichen EU-Forschungsthemen<sup>5</sup>, wie auch zum Thema „Big Data in the Life Sciences“ werden bioinformatische Kompetenzen gefordert.<sup>6</sup> Die Studierenden werden auf diese Aufgaben, die technologische und wissenschaftliche Kompetenz voraussetzen, vorbereitet und frühzeitig interdisziplinär ausgebildet.

Der Bedarf an hoch qualifizierten und exzellent ausgebildeten Bioinformatikern sowohl in der akademischen als auch der industriellen Forschung sowie den kleinen und mittleren Unternehmen der Biotechnologie wächst seit 20 Jahren kontinuierlich. Die Nachfrage des Arbeitsmarkts ist größer als das Angebot. Die Nachfrage auf dem Arbeitsmarkt, vor allem in der Grundlagen- und klinischen Forschung, aber auch der pharmazeutischen und biotechnologischen Industrie, kann derzeit nicht gedeckt werden. Absolventen haben hervorragende Chancen auf dem Arbeitsmarkt, der Studiengang erfreut sich hoher Anerkennung.

Die Förderung der Bioinformatik-Infrastruktur und der Medizininformatik haben hohe Priorität in der Forschungsförderung des BMBF<sup>7</sup>. Die vielseitige Ausbildung eröffnet den Absolventen Chancen, die weit über den Kernbereich der akademischen Bioinformatik hinausgehen und der Diversität der Studierenden Rechnung tragen. Ihnen öffnet sich eine breite Palette von Berufsperspektiven, beginnend mit forschungsnahen Tätigkeiten in der Bioinformatik und der Verarbeitung und Analyse großer Datenmengen, weiter über Softwareentwicklung und Datenmanagement bis hin zu interdisziplinären Berufen wie Consulting und Patentrecht.<sup>8</sup>

Neben Promotion und akademischer Karriere an Universitäten (u.a. TUM, LMU) und Forschungseinrichtungen (u.a. Helmholtz Zentren, Max-Planck-Institute, EBI Cambridge) besteht ein hoher Bedarf an qualifizierten Bioinformatikern in der Industrie

---

<sup>4</sup> L. Fiorini, *The 4th revolution*, Oxford Univ. Press, 2014

<sup>5</sup> siehe IMI, Innovation Medicine Initiative ([imi.europa.eu](http://imi.europa.eu))

<sup>6</sup> Workshop “Big Data in Life Sciences” der Leopoldina, Babelsberg Juli 2015

<sup>7</sup> Siehe auch die Stellungnahme der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina zu Voraussetzungen und Konsequenzen der personalisierten Medizin (Dez. 2014)

<sup>8</sup> Diese Berufsfelder sind durch frühere Absolventen belegt.

(u.a. Bayer/Schering, Roche, Novartis), bei bayerischen KMUs der Biotechnologie und generell im Bereich Patentwesen, Consulting und der Softwareindustrie. Absolventen des Studiengangs sind international gefragt (vor allem in USA und UK). Zusätzlich stehen den Absolventen des Bioinformatik Masterstudiengangs durch ihre sehr guten Kenntnisse und Kompetenzen in der effizienten Behandlung großer realer Daten und den dabei auftretenden informatischen und statistischen Problemen viele Tätigkeitsfelder in der Beratung, der Softwareindustrie und anderen IT-Bereichen offen.

Ein weites Feld unternehmerischer Chancen eröffnen sich für Neugründungen (wie die bereits etablierten Bioinformatikfirmen Biomax AG und Genomatix GmbH, die ca. 80 Mitarbeiter beschäftigen), aber auch in allen Bereichen der molekularen Biotechnologie, der diagnostischen Genetik sowie der Pharmaforschung. Das gilt auch für IT-getriebene Bereiche, insbesondere Softwareentwicklung, Datenanalyse und Big Data.

Im Münchner Branchenmix sind die Informations- und Kommunikationstechnologie eine tragende Säule. Der Masterstudiengang BIM-MS dient dazu, den stetig wachsenden Bedarf an Nachwuchskräften im Bereich der Bioinformatik Grundlagen- und Anwendungsforschung zu decken. Nach den bisherigen Erfahrungen promoviert mehr als die Hälfte der Masterabsolventen, von denen etwa zwei Drittel an den Lehrstühlen f. Bioinformatik bleiben (insgesamt wurden dort in den letzten Jahren mehr als 50 Promotionen abgeschlossen). Die übrigen setzen ihre Laufbahn in Bioinformatik- oder Biotechunternehmen fort oder wechseln in verwandte Tätigkeiten (Softwareindustrie, Consulting, Patentrecht). Die spezialisierten Bioinformatikunternehmen (z.B. Biomax, Genomatix, Genedata, BioSolveIT) und eine große Zahl von Biotechnologieunternehmen (z.B. Pieris, GATC, Eurofins, Medigenomics) sind attraktive Arbeitgeber, Pharmaunternehmen unterhalten Bioinformatikabteilungen (Bayer/Schering, Roche, Merck KG, Boehringer Ingelheim). Insgesamt wird der Arbeitsmarkt in den einschlägigen Foren sehr positiv beurteilt.<sup>9</sup> Beim Branchenverband *Bitkom* wird die Bioinformatik bisher nicht statistisch erfasst.

Die Berufsperspektiven sind zunächst durch eine hohe Nachfrage an Bioinformatik-Fachleuten aber auch durch eine hohe Nachfrage nach gut ausgebildeten Informatikern geprägt. Die breite Verfügbarkeit von Hochdurchsatztechnologien (Sequenzierung, Genomanalyse, Proteomik) in der industriellen und akademischen Forschung lässt den Bedarf rasch steigen. Unternehmerische Aktivitäten der Münchner Bioinformatik haben in der Vergangenheit aus Startups etablierte Unternehmen gemacht, die Eigenständigkeit bietet zusätzliche Perspektiven (Biomax, Genomatix, BioSolveIT). Zunehmend werden Bioinformatiker in der klinischen Forschung gesucht. Das Tätigkeitsfeld der Absolventen reicht von der Entwicklung und Anpassung von Software zur Datenverwaltung und -analyse bis zu eigenständiger wissenschaftlicher Arbeit, sowohl als Team-Mitglied als auch als selbstständiger Wissenschaftler mit Führungsqualitäten.

---

<sup>9</sup> <https://www.get-in-it.de/studium/studienfacher/bioinformatik>

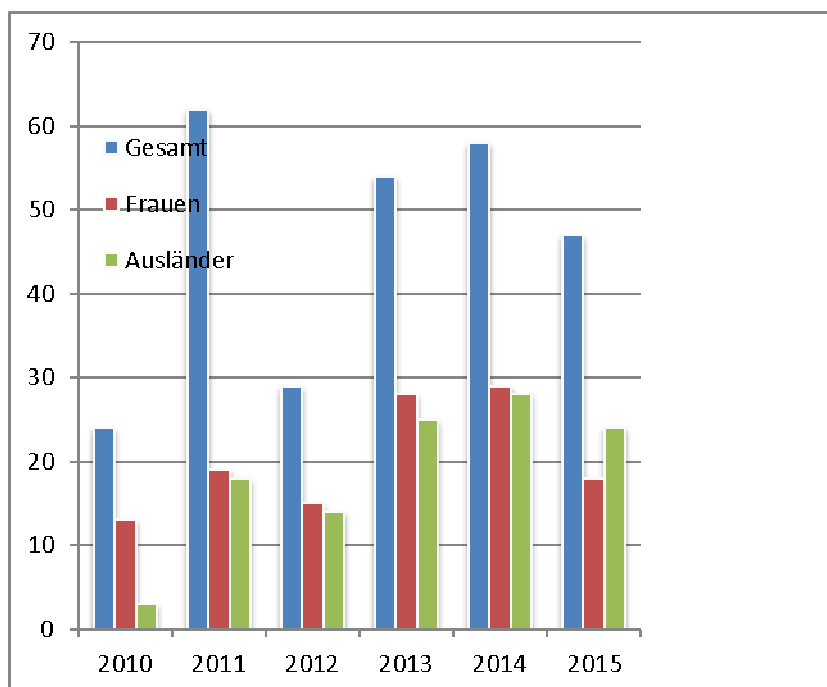


## 4.2 Nachfrage potentieller Studierender

Obwohl der BIM-MS-Studiengang in Deutschland in den Absolventenzahlen führt, stellen wir aktuell noch eine Diskrepanz zwischen dem hoch attraktiven Angebot und der Nachfrage fest. Gründe liegen im schwachen Bekanntheitsgrad des Faches an den Gymnasien und der daraus resultierenden relativ geringen Quote an Studienanfängern. Häufig entscheiden sich Schüler mit guten Abiturnoten für Fächer mit Zulassungsbeschränkung. Durch Informationsveranstaltungen an Schulen und berufsorientierenden Massnahmen („Schnuppertage“, Markt der Möglichkeiten, Tage der offenen Tür, Unitage, Probestudium, Abiturientenmessen) werben die Lehrstühle für die Bioinformatik beider Universitäten um Studienanfänger.

Zur Einführung des Studiengangs Bioinformatik wurden Bachelor, Master und Diplomstudiengänge angeboten, daraus ergab sich eine verzögerte Einschreibung in den Masterstudiengang. Im Wintersemester 2009/10 bewarben sich noch relativ wenige Studierende auf den neuen BIM-MS Studiengang (Fig. 2), da dies zwar das erste Semester war, ab dem nach der Umstellung auf das reine Bachelor/Master-System im Jahr 2007 nur noch Bachelor abschlossen, aber erfahrungsgemäß ein Teil der Kohorte erst im nachfolgenden Semester abschliesst. Insgesamt stiegen seitdem die Bewerbungen kontinuierlich an<sup>10</sup>. Positiv ist der relativ hohe Anteil von Bewerberinnen, der mit über 40% weit über dem Mittel der TUM Informatik liegt.

Bei der überwiegenden Zahl der Bewerbungen handelt es sich um Studierende des Münchener Bioinformatik Bachelor Studienganges. Zunehmend wechseln Absolventen der Bioinformatikstandorte Tübingen und Frankfurt nach München.



**Fig. 2: Bioinformatik Master Bewerbungen**

Die Balken geben die Summe der Bewerber im jeweiligen Jahr (Sommer- und Wintersemester) an.

<sup>10</sup> Die Bewerberzahl in 2012 erklärt sich durch den Wegfall des Diplomstudiengangs und die verzögerte Bewerbung vieler Studierender, die Nachweise der Teilnahme an Lehrveranstaltungen im 7. Semester einreichten.

### 4.3 Quantitatives Ziel: stetiges Wachstum

Als Folge der Abschaffung des Diplomstudienganges zum Wintersemester 2007/08 kann mit der durch die Dauer des Bachelorstudiums bedingten Verzögerung ein kontinuierlicher Anstieg der Studierenden, die das Masterstudium beginnen, beobachtet werden. Ab dem Sommersemester 2012 sind die Folgen der Umstellung auch im Masterstudiengang voll ausgebildet (Fig. 3). Die Spitze bei den Anfängern im Bachelor Studium im Jahr 2011 zeichnet sich Anfang 2015 noch nicht bei den Anfängern im Masterstudium ab.

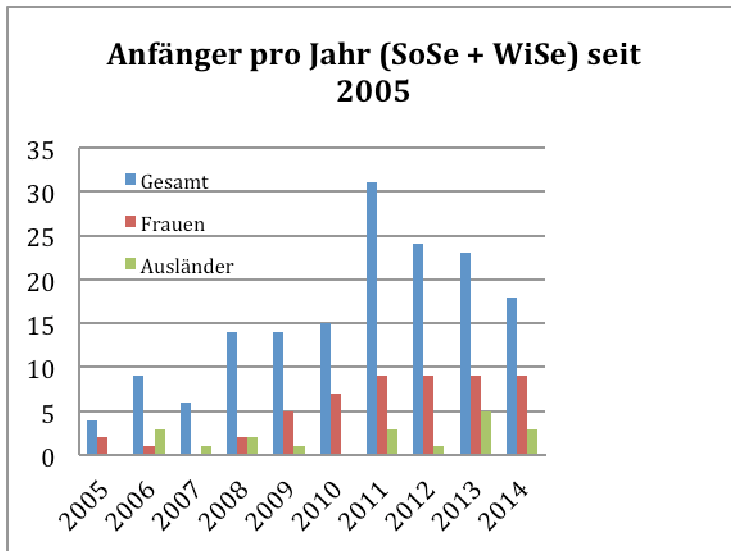


Fig. 3: Bioinformatik Master

#### Anfänger

Die Rubriken Frauen und Ausländer geben jeweils den Anteil an der Gesamtzahl wieder.

Wenn wir die Anzahl der BIM Master Absolventen pro Studienjahr über die Jahre 2009 bis 2014 beobachten, wird der Umstieg vom Diplom/Master/Bachelor System auf das reine Master/Bachelor System deutlich. Mit einer Anzahl von 21 Absolventen in den Jahren 12/13 und 13/14 ist ein Plateau erreicht. Dies ist bei einer Zahl von etwa 20 Anfängern über die letzten Jahre hinweg eine gute Quote

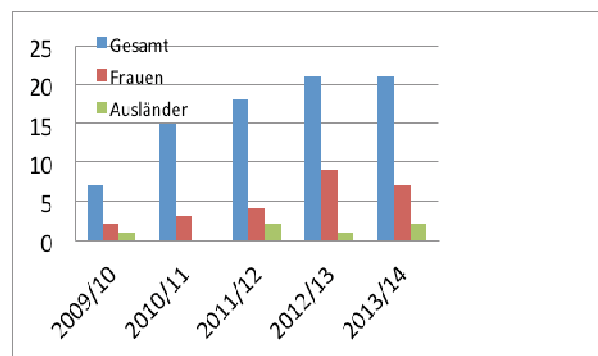


Fig. 4: Bioinformatik Master Absolventen

und spricht für eine gute Betreuung und Organisation während des Studiums. Um eine höhere Anzahl von Absolventen zu erreichen, sollten Massnahmen ergriffen werden, die Anzahl der Studienanfänger zu erhöhen. Um den wachsenden Bedarf an Bioinformatik zu decken sollten 40 Studienanfänger/Jahrgang angestrebt werden.

## 5 Wettbewerbsanalyse/Positionierung des Studiengangs

Die Kompetenz, biologische, medizinische, und genetische Information zu interpretieren hat für die Lebenswissenschaften die zentrale, ständig wachsende Bedeutung. Die Informatik bestimmt alle Bereiche des öffentlichen, sozialen und privaten Lebens, sie ist essentiell für Kommunikation, Finanzwesen und Technologie im weitesten Sinn. Die Bioinformatik ist damit Teil des öffentlichen Auftrags beider Universitäten, Schlüsseltechnologie auf höchstem Niveau zu entwickeln und in der Lehre zu vermitteln.

Der Studiengang hat in seiner Breite der Forschungsthemen und des Lehrangebots ein absolutes Alleinstellungsmerkmal, vor allem durch die gelungene Kooperation der führenden Lehrstühle für Bioinformatik an TUM und LMU sowie der Integration der Lehre der beteiligten Fakultäten. Dieses Angebot ist in Europa ohne Beispiel, München gehört zu den prominentesten Standorten der Bioinformatikausbildung. Seine Absolventen sind hoch begehrte Doktoranden und Postdocs, auch in den USA (Stanford, Berkeley, EBI Hinxton) und der forschenden Pharmaindustrie (Bayer, Sanofi, Boehringer, Pfizer, Roche).

Wir vergleichen den BIM MS-Studiengang hier vorrangig mit anderen Studiengängen in Deutschland. Alle vergleichbaren Studiengänge setzen deutsche Sprachkenntnisse voraus. Mindestens 21 universitäre Einrichtungen in Deutschland bieten im Wintersemester 2014/15 die Möglichkeit Bioinformatik zu studieren, die Inhalte variieren stark. In 9 von diesen ist ein Abschluss in der Bioinformatik das Hauptziel (Tabelle 1), in den anderen 12 ist Bioinformatik eine mögliche Spezialisierung eines Studiums in einem anderen Fach. BIM ragt aus der Liste der Einrichtungen, die in Deutschland Bioinformatik lehren, eindeutig im Bezug auf die Anzahl der international in dem Feld der Bioinformatik renommierten Forschungsgruppen heraus (Tabelle 1). Die Münchner Bioinformatiker genießen hohes internationales Ansehen und schneiden in Rankings hervorragend ab (regelmäßige Publikationen in Nature, Science, Cell; Beteiligung an nationalen und internationalen Forschungsnetzwerken, ERC-Förderung, gemeinsam über 40.000 Zitierungen der Publikationen). Vor allem die Perspektive der etablierten Graduiertenschulen und die damit gegebenen Promotionsmöglichkeiten ist für die Studierenden hoch attraktiv und stellt ein Alleinstellungsmerkmal der Region dar (TUM-Graduate School, GSISH, Exzellenzgraduiertenschule QBM und die Graduiertenschule des Helmholtz Zentrums München, HELENA).

Heidelberg/Mannheim kommt mit dem EMBL (*European Molecular Biology Laboratory*) und dem DKFZ (Das Deutsche Krebsforschungszentrum) den Münchner Zahlen nahe. Auch dort wird Spitzenforschung in der Bioinformatik geleistet (P. Bork, EMBL, R. Eils, DKFZ). Allerdings bieten weder Heidelberg noch Mannheim Studiengänge für Bioinformatik an.

**Tabelle 1: Studiengänge in Deutschland mit Abschluss „Bioinformatik Master“**

<i>Universität</i>	<i>Bioinformatik Gruppen</i>	<i>Seit</i>	<i>Sprache</i>
FU Berlin	3-5	2000	Deutsch
Univ Bielefeld	3-4	2000	Deutsch/Englisch
Goethe Univ Frankfurt	1	2006	Deutsch/Englisch
Martin Luther Univ Halle-Wittenberg	3	2005	Deutsch
Univ Hamburg	3-5	2009	Deutsch/Englisch
Friedrich Schiller Univ Jena	2	2001	Deutsch/Englisch
LMU/TUM München	8-12	2000	Deutsch
Univ Saarland Saarbrücken	4-7	2000	Deutsch
Eberhard Karls Univ Tübingen	5	2004	Deutsch

**Studiengänge mit verwandtem Profil:** Bei den im Titel ähnlich genannten Studiengänge *Biomedical Computing* (Fak. f. Informatik) oder *Molekulare Biotechnologie* (WZW) an der Technischen Universität München handelt es sich um Studiengänge, die sich inhaltlich deutlich von den Zielen und Kompetenzen von den Studiengängen der Bioinformatik unterscheiden. *Molekulare Biotechnologie* fokussiert auf Themen des Designs von Biomolekülen und ihrer technologischen Nutzung und ist – im Gegensatz zum Masterstudiengang Bioinformatik – experimentell orientiert. *Biomedical Computing* befasst sich mit der Anwendung von Informatikmethoden in der Medizin, fokussiert auf Software und bildbezogene Lösungen für die medizinische Behandlung und ist anders als die Bioinformatik auf technologische Anwendungen ausgerichtet.

Außerhalb Deutschlands gibt es mehr als 30 Master Studiengänge für Bioinformatik und *Computational Biology* (Tabelle 2). Diese Studiengänge haben für internationale Studierende geringere Sprachbarrieren. BIM-MS bemüht sich, diesen Standortnachteil auszugleichen.

**Tabelle 2: Bioinformatik Masterstudium in Europa außerhalb Deutschlands**

<i>Universität</i>	<i>Land</i>	<i>Sprache</i>
<b>Aberdeen</b>	England	Englisch
<b>Amsterdam</b>	Niederlande	Englisch
<b>Bergen</b>	Norwegen	Englisch

<b>Bologna</b>	Italien	Englisch
<b>Bruxelles</b>	Belgien	Französisch
<b>Copenhagen</b>	Dänemark	Englisch
<b>Dundee</b>	England	Englisch
<b>Edinburgh</b>	Schottland	Englisch
<b>Ghent</b>	Belgien	Flämisch/Englisch
<b>Glasgow</b>	Schottland	Englisch
<b>Helsinki</b>	Finnland	Englisch
<b>Leeds</b>	England	Englisch
<b>Leuven</b>	Niederlande	Englisch
<b>Linz</b>	Österreich	Deutsch
<b>ICL London</b>	England	Englisch
<b>UCL London</b>	England	Englisch
<b>Lund</b>	Sweden	Englisch
<b>DTH Lyngby</b>	Dänemark	Englisch
<b>Manchester</b>	England	Englisch
<b>Nijmegen</b>	Niederlande	Englisch
<b>Oxford</b>	England	Englisch
<b>Univ Paris VII</b>	Frankreich	Französisch
<b>SIB (Swiss Inst. for Bioinformatics) Lausanne, Basel, Genf</b>	Schweiz	Englisch
<b>Skövde</b>	Schweden	Englisch
<b>Stockholm KTH</b>	Schweden	Englisch
<b>Stockholm Univ</b>	Schweden	Englisch
<b>Uppsala</b>	Schweden	Englisch
<b>Weizmann Inst. Rehovot</b>	Israel	Englisch
<b>York</b>	England	Englisch
<b>Zurich (ETH + Univ)</b>	Schweiz	Englisch

## 6 Aufbau des Studiengangs

Der Master Studiengang Bioinformatik ist auf vier Semester ausgelegt. In jedem Semester sollen 30 ECTS erworben werden. Er dient der Vertiefung der im Bachelorstudiengang erworbenen Kompetenzen unter besonderer Berücksichtigung der rasanten aktuellen methodischen Entwicklungen. Das einzige Pflichtmodul stellt das Masterpraktikum mit 12 ECTS dar, das von den drei beteiligten Bioinformatik-Lehrstühlen mit unterschiedlichen Schwerpunkten angeboten wird. Darüber hinaus sind Module im Bereich der drei Kernkompetenzen zu absolvieren: Bioinformatik, Informatik/Mathematik/Statistik sowie Biologie/Biochemie. Um für das Studienziel eine breite Basis zu legen, sind in diesen drei Bereichen Mindestkreditzahlen vorgegeben. Diese betragen in der Bioinformatik 33 ECTS, in der Informatik/Mathematik/Statistik 15 ECTS und Biologie/Biochemie 15 ECTS. Nach Abzug der Masterarbeit (30 ECTS) und dem Master-Praktikum (12 ECTS) bleiben 15 ECTS übrig, die frei aus diesen drei genannten Säulen eingebracht werden können, um die Mindestanzahl von 120 Credits zu erreichen. Neben Wahlmodulen aus der Bioinformatik stehen den Studierenden eine große Zahl von Wahlmodulen aus Biologie/Biochemie/Chemie, und Informatik/Mathematik/Statistik zur Verfügung. Das frei gestaltbare *Fortgeschrittenenpraktikum* ermöglicht den Studierenden die Mitarbeit in Forschergruppen oder der Industrie. Damit haben die Studierenden die Möglichkeit Themen ihrer Interessen und Neigungen zu vertiefen. Aufgrund der großen zeitlichen Flexibilität wird die Studierbarkeit anhand von exemplarischen Stundenplänen gezeigt.

Die Master-Absolventen der Bioinformatik München (BIM) verfügen über vertiefte Kenntnisse der Informatik, der Biologie/Biochemie, den experimentellen Technologien und der Bioinformatik. Kernthemen wie Genomanalyse, Genetik, Strukturbiochemie und \*omics-Analytik sowie spezialisierte Module werden von den Bioinformatik Lehrstühlen sowie den Fakultäten der TUM (Informatik, WZW) und der LMU (Mathematik-Informatik-Statistik, Biologie, Chemie-Pharmazie) vertreten.

Zusätzlich können weitere Module aus der Mathematik, Chemie und Medizin belegt werden. Forschungsorientierte Module wie Praktika und Abschlussarbeiten werden auch gemeinsam mit dem Helmholtz Zentrum München, dem Genzentrum der LMU und dem MPI Biochemie durchgeführt. Wohl kaum ein anderer Bereich in den modernen Naturwissenschaften ist so generisch interdisziplinär wie die Bioinformatik.

Zentraler Teil des Masterstudiums ist die Heranführung an eigenständige wissenschaftliche Arbeit. Im Rahmen des Pflichtpraktikums als Kernmodul müssen die Studierenden in Kleingruppen selbstständig unter Anleitung erfahrener Wissenschaftler aktuelle Fragestellungen bearbeiten sowie in Referaten und Diskussionen mit ihren Kommilitonen die gewonnenen Ergebnisse darstellen und verteidigen. Großer Wert wird auf den Umgang mit der (ausschließlich englischen) Originalliteratur gelegt, ebenso werden Themen von hoher gesellschaftlicher Relevanz vertiefend angeboten (z.B. Personalisierte Medizin, Genomanalyse).

Insgesamt fünf Fakultäten der TUM (Informatik, WZW) und der LMU (Mathematik-Informatik-Statistik, Biologie, Chemie-Pharmazie) bilden den Kern des Studiengangs und bieten Module für BIM-MS an. Das Wissen im Fach Biologie wird durch ausgesuchte, spezialisierte Module erweitert (funktionelle Genomanalyse, Strukturbiologie, Genetik). In der Informatik, Mathematik und Statistik werden die Methoden zur Behandlung von Netzwerken, Datenanalyse und –integration, sowie die Grundlagen systembiologischer Modellierung (Gaussian Graphical Methods, Differentialgleichungen, etc.) vermittelt. In der Bioinformatik erlernen die Studierenden die Bearbeitung der \*omics Daten (Next Generation Sequencing, Transkriptomanalyse, Epigenetik, Systembiologie, Synthetische Biologie etc.).

Die Studierenden werden durch aktive Teilnahme an den Forschungsprojekten der Lehrstühle an die wissenschaftliche Arbeit herangeführt. Sie lernen die streng strukturierten abstrakten Ergebnisse der Datenanalyse zur kausalen Interpretation komplexer biologischer Prozesse zu nutzen und gewinnen neue wissenschaftliche Erkenntnisse. Die Lehrstühle der Bioinformatik fördern den *wissenschaftlichen Nachwuchs* intensiv; bereits im Masterpraktikum werden die Studierenden in Forschungsprojekte einbezogen und nehmen an Diskussionen und Seminaren teil. Der Weg über die Masterarbeit in die spätere Promotion ist häufig vorgezeichnet. Abschlussarbeiten werden intensiv und individuell betreut und werden zu einem beachtlichen Teil in Kooperationen mit experimentell arbeitenden Gruppen bearbeitet. In allen Fällen ist einer der Professoren der Bioinformatik Themensteller oder Gutachter. Durch Praktika und Abschlussarbeiten sind die Absolventen den Herausforderungen gewachsen, mit komplexen biologischen Daten umzugehen, sie zu analysieren und zu interpretieren.

Insgesamt garantiert das Programm durch große Wahlfreiheit der zahlreichen wissenschaftlich geprägten Module, sowie durch ambitionierte Themen der Masterarbeit eine strukturierte Ausbildung zum kreativen, effizienten und eigenständigen Forscher mit Führungsqualitäten. Diese Anforderungsziele bereiten eine Promotion optimal vor. Obwohl Deutsch-Kenntnisse nachgewiesen werden müssen, ist das Masterstudium nicht ohne gute Englischkenntnisse zu absolvieren.

Die Struktur des Studiengangs setzt mit den Pflicht- und Wahlmodulen die Forderung nach maximaler Flexibilität bei gleichzeitiger Vermittlung von Kernkompetenzen um. Das Masterpraktikum und die Master Thesis vermitteln durch intensive Betreuung der Studierenden die notwendigen Fähigkeiten und Kenntnisse. In ihrer Masterarbeit leisten die Studierenden bereits Beiträge zu international publizierten Forschungsarbeiten experimenteller Arbeitsgruppen. Themen kommen aus allen Bereichen der Lebenswissenschaften inklusive der Medizin, die mit Werkzeugen der Bioinformatik behandelt werden. Dabei ist entscheidend, dass Absolventen Lösungswege finden und Methoden entwickeln können.

Das Angebot umfasst die Lehr- und Lernformen Vorlesung/Übung (durch e-Learning und e-Materialien unterstützt), Praktikum (in Kleingruppen, aktuelle Forschungsthemen, Abfassen einer Publikation, gegenseitiges Reviewing, Vortrag), Seminar (hoher Eigenanteil der Studierenden), sowie die individuell intensiv betreuten Masterarbeiten

einschließlich thematischer Vorbereitung, Supervision, häufig interdisziplinärer Kooperation mit experimentell arbeitenden Wissenschaftlern.

Überfachliche Grundlagen als eigenständige Module sind im Masterstudium Bioinformatik fakultativ vorgesehen, so werden Seminare zu Grundlagen der Wissenschaftstheorie angeboten. *Softskills* wie Zeit- und Selbstmanagement, Projektplanung und Konfliktlösung in der Gruppe werden im Rahmen des Praktikums erarbeitet. Innerhalb der Regelstudienzeit von vier Semestern ist kein explizites Mobilitätsfenster für einen Auslandsaufenthalt ausgewiesen, da sich jedes Wintersemester eignet. Da nur das Masterpraktikum ein Pflichtmodul ist, ist es möglich, nach Abstimmung mit dem Prüfungsausschuss im Rahmen der vereinfachten Anerkennung Leistungen im Umfang bis zu 30 ECTS im Ausland zu erwerben. Besonders gut bietet sich hierzu auch das Modul des Fortgeschrittenenpraktikums an, mit welchem die Arbeit an Forschungsprojekten in Gruppen im In- und Ausland mit 8 ECTS anerkannt werden kann.

### Studienplan

Im Folgenden ist in Tabelle 3 ein möglicher Studienplan für den BIM Master dargestellt.

SEMESTER	BIOINFORMATIK (SÄULE I)	INF/MATHSTAT (SÄULE II)	BIOL/BIOCHEM/CHEM (SÄULE III)	ECTS
1	MASTERPRAKTIKUM BIOINFORMATIK 10P 12ECTS	IN5042 KNOWLEDGE DISCOVERY IN DATA-BASES I 3V+2Ü 6ECTS	IN5063 BIOCHEMIE III - MAKROMOLEKÜLE 2V 3ECTS	30
	IN5021 ALGORITHMISCHE BIOINFORMATIK: SYSTEME UND NETZWERKE 4V+2Ü 9ECTS			
2	WZ 8096 MODELIERUNG BIOLOGISCHER MAKROMOLEKÜLE 2-WOCHEN BLOCK IN DER VORL.FREIEN ZEIT 6ECTS	IN2309 ADVANCED TOPICS IN SOFTWARE ENGINEERING 4V+2Ü 8ECTS	IN5037 EVOLUTIONARY GENETICS 4V 6ECTS	31
	WZ0402 STRUKTURBIOINFORMATIK 3V+1Ü 5ECTS		IN5062 BIOCHEMIE IV 4V 6ECTS	
3	IN5020 ALGORITHMISCHE BIOINFORMATIK: BÄUME UND GRAPHEN 4V+2Ü 9ECTS	IN2017 COMPUTER GRAFIK 4V 6ECTS		29
	IN2221 PROTEIN PREDICTION I FOR BIOIN-	IN5033 DATENBANKSYSTEME II 3V+2Ü 6ECTS		



	FORMATICIANS 4V+2Ü 8ECTS			
4	MASTERTHESIS 30ECTS			30
	<b>79</b>	<b>26</b>	<b>15</b>	<b>120\120</b>
	<b>MINIMUM: 45ECTS BIOINFORMATIK + 15ECTS INFORMATIK + 15ECTS BIOLOGIE/CHEMIE/BIOCHEMIE + 15ECTS FREIE AUSWAHL (+ 30ECTS THESIS)</b>			

Tabelle 3a: Studienplan mit Studienbeginn Sommersemester

SEMESTER	BIOINFORMATIK (SÄULE I)	INF/MATHSTAT (SÄULE II)	BIOL/BIOCHEM/CHEM (SÄULE III)	ECTS
1	WZ0402 STRUKTURBIOINFORMATIK 3V+1Ü 5ECTS	IN5085 PARALLEL COMPUTING 3V+2Ü 6ECTS	IN5062 BIOCHEMIE IV 4V 6ECTS	29
	WZ 8096 MODELIERUNG BIOLOGISCHER MAKROMOLEKÜLE 2-WOCHEN BLOCK IN DER VORL.FREIEN ZEIT 6ECTS		IN5037 EVOLUTIONARY GENETICS 4V 6ECTS	
2	IN5021 ALGORITHMISCHE BIOINFORMATIK: SYSTEME UND NETZWERKE 4V+2Ü 9ECTS	IN5042 KNOWLEDGE DISCOVERY IN DATABASES I 3V+2Ü 6ECTS	IN5063 BIOCHEMIE III - MAKROMOLEKÜLE 2V 3ECTS	30
	MASTERPRAKTIKUM BIOINFORMATIK 10P 12ECTS			
3	IN5019 ALGORITHMISCHE SYSTEMBIOLOGIE 4V+2Ü 9ECTS	IN2003 EFFIZIENTE ALGORITHMEN I 4V+2Ü 8ECTS		31
	IN5022 ALGORITHMEN AUF SEQUENZEN 4V+2Ü 9ECTS	IN2026 WISSENSCHAFTLICHE VISUALISIERUNG 3V+1Ü 5ECTS		
4	MASTERTHESIS 30ECTS			30
	<b>80</b>	<b>25</b>	<b>15</b>	<b>120\120</b>
	<b>MINIMUM: 45ECTS BIOINFORMATIK + 15ECTS INFORMATIK + 15ECTS BIOLOGIE/CHEMIE/BIOCHEMIE + 15ECTS FREIE AUSWAHL (+ 30ECTS THESIS)</b>			

Tabelle 3b: Studienplan mit Studienbeginn Wintersemester

## 7 Organisatorische Anbindung und Zuständigkeiten

Der Master-Studiengang Bioinformatik (BIM-MS) wird gemeinsam von der Technischen Universität München (TUM) und der Ludwig-Maximilians-Universität München (LMU) angeboten. An der TUM sind die Fakultät für Informatik und das Wissenschaftszentrum Weihenstephan (WZW) und an der LMU die Fakultät für Mathematik, Informatik und Statistik, die Fakultät für Biologie und die Fakultät für Chemie und Pharmazie beteiligt und im Prüfungsausschuss repräsentiert. Das Studium gliedert sich in drei Säulen: Bioinformatik, Informatik/Mathematik/Statistik und Biologie/Biochemie/Chemie. Das Pflichtmodul – das Masterpraktikum – wird von den drei Bioinformatik-Lehrstühlen (LMU, TUM) parallel angeboten. Für die Wahlmodule können die Studierenden auf ein großes Angebot der beteiligten Fakultäten zugreifen.

Das Entscheidungsgremium für alle Studienangelegenheiten ist der Prüfungsausschuss für Bioinformatik (BIPA). Der Prüfungsausschuss Bioinformatik ist keiner der beteiligten Fakultäten zugeordnet. Er besteht aus je drei Mitgliedern der TUM und LMU und setzt sich aus je einem Vertreter der beteiligten Fakultäten zusammen. Ausnahme ist das Wissenschaftszentrum Weihenstephan (WZW), welches zwei Vertreter stellt. Die vertretenen Fakultäten entsenden ihre jeweiligen Vertreter. Der Prüfungsausschuss tagt regelmäßig 1-2 mal pro Semester. Die LMU ist federführend verantwortlich in Fragen der Immatrikulation. Studierende der Bioinformatik sind an beiden Universitäten gleichzeitig vollwertig immatrikuliert. Bewerbung und Eignungsverfahren werden von der LMU durchgeführt, ebenso erfolgt die Fachstudienberatung an der LMU. Die Prüfungsverwaltung unter Federführung der TUM wird von der Fakultät für Informatik übernommen, die den Vorsitzenden des Prüfungsausschusses (BIPA) stellt. Das Servicebüro „Studium“ der TUM-Informatik stellt den operativen Schriftführer. Der BIPA arbeitet eng und einvernehmlich mit den Dozenten, der Semester-Stundenplanung und der Schriftführung zusammen. So können die unabhängigen Einheiten der beteiligten Universitäten/Fakultäten ihre spezifischen Zuständigkeiten ohne größere Probleme verknüpfen, der BIPA und die Schriftführung übernehmen dabei die Koordination.

## 8 Ressourcen

### 8.1 Personelle Ressourcen

Die beteiligten Fakultäten verfügen über ausreichende personelle Ressourcen für die Durchführung des Studienganges. Spezifische Bioinformatikangebote werden von den dedizierten Professoren im Rahmen ihrer Lehrverpflichtung abgehalten. An der TUM sind dies Prof. Rost und eine derzeit neu ausgeschriebene Professur sowie Prof. Mewes, Prof. Frishman und Prof. Antes. Eine vorgezogene Neubesetzung des Ordinariats von Prof. Mewes ist geplant. An der LMU sind die Professoren Zimmer, Friedel und Heun verantwortlich für die Bioinformatikmodule des Studiengangs. Die Lehrstühle verfügen über ausreichend akademisches Personal zur Durchführung von Übungen und Praktika sowie der individuellen Betreuung der Masterarbeiten.

## 8.2 Sachausstattung Räume

Die beteiligten Fakultäten verfügen über genügend Räume und Rechnerkapazitäten, um die ordnungsgemäße Durchführung an den jeweiligen Standorten gewährleisten zu können. Dazu zählen insbesondere Laborplätze in Großhadern (LMU), in Weihenstephan (WZW-TUM), in Neuherberg (Helmholtz Zentrum München, Inst. f. Bioinformatik und Systembiologie), sowie Rechnerräume in Garching (TUM), Weihenstephan (WZW-TUM) und der Münchner Innenstadt (LMU).