

1 Studiengangsdokumentation

Masterstudiengang Bioinformatik

Teil A

Fakultät für Informatik

Technische Universität München

Allgemeines:

- Organisatorische Zuordnung: Fakultät für Informatik
- Bezeichnung: Master Bioinformatik
- Abschluss: Master of Science
(M.Sc.)
- Regelstudienzeit und Credits: 4 Fachsemester und 120 Credit Points (CP)
- Studienform: Vollzeit, Präsenzstudiengang
- Zulassung: Eignungsverfahren (EV - Master),
- Starttermin: Semester/Jahr, in der Form:
Wintersemester (WiSe) 2021/2022
- Sprache: Deutsch/Englisch
- Ergänzende Angaben: Gemeinsamer Studiengang der Ludwig-Maximilians-Universität und der Technischen Universität München
- Studiengangsverantwortliche: Prof. Dr. Burkhard Rost (TUM-IN)
Prof. Dr. Ralf Zimmer (LMU-IN):
Prof. Dr. Volker Heun (LMU-IN)
- Ansprechperson bei Rückfragen zu diesem Dokument:
Dr. Lothar Richter
E-Mailadresse: richter@in.tum.de
Telefonnummer: 08928919438
- Stand vom: 25.05.2021

Inhaltsverzeichnis

1	Studiengangsziele	4
1.1	Zweck des Studiengangs.....	4
1.2	Strategische Bedeutung des Studiengangs.....	5
2	Qualifikationsprofil	7
2.1	Wissen und Verstehen.....	7
2.2	Einsatz, Anwendung und Erzeugung von Wissen.....	9
2.3	Kommunikation und Kooperation.....	9
2.4	Wissenschaftliches Selbstverständnis / Professionalität.....	9
3	Zielgruppen	11
3.1	Adressatenkreis.....	11
3.2	Vorkenntnisse.....	11
3.3	Zielzahlen.....	12
4	Bedarfsanalyse	15
5	Wettbewerbsanalyse	16
5.1	Externe Wettbewerbsanalyse.....	16
5.2	Interne Wettbewerbsanalyse.....	19
6	Aufbau des Studiengangs	20
7	Organisatorische Anbindung und Zuständigkeiten	23
8	Entwicklungen im Studiengang	26

1 Studiengangsziele

1.1 Zweck des Studiengangs

Die Fachgruppe Bioinformatik, die sich 2014¹ aus den entsprechenden Fachgruppen der Fachgesellschaften gegründet hat und seitdem als Plattform für viele Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker in Deutschland fungiert, definiert Bioinformatik wie folgt: „Die Bioinformatik wendet Methoden aus der Informatik auf wissenschaftliche Probleme aus den Lebenswissenschaften an und hat sich als verbindende Disziplin zwischen der Informatik und den Lebenswissenschaften in den letzten Jahrzehnten zu einer eigenständigen Teildisziplin entwickelt.“² Ursprüngliche Entwicklungen in den Elterndisziplinen Informatik, Mathematik, Biologie, Biochemie und Medizin haben sich längst zu einem interdisziplinären, aber eigenständigen Fach entwickelt, das über genug Inhalte und Konzepte verfügt, um als eigene Disziplin zu gelten. Diese Entwicklung geschah und geschieht in enger Abstimmung mit den parallel dazu eingeführten dedizierten Studiengängen für Bioinformatik in Deutschland und weltweit. Die Bioinformatik stellt somit die Forschung und die problembezogene Unterstützung der Lebenswissenschaften in den Mittelpunkt. Mit „Lebenswissenschaften“ sind im Folgenden explizit alle biologischen und biotechnologischen Wissenschaften aber auch Medizin und Tiermedizin, hier insbesondere die forschungsorientierte Biomedizin gemeint. Insbesondere sind auch Anwendungen des maschinellen Lernens und der künstlichen Intelligenz in diesen Fächern von wachsender Bedeutung in der Bioinformatik.

Die Wichtigkeit der Bioinformatik für die Gesellschaft ergibt sich aus der Tatsache, dass sich die Biologie aber mehr und mehr auch die Biomedizin zu genomorientierten, personalisierten Informationswissenschaften transformieren. Die Sektoren Gesundheit, Pharma und Biotechnologie wachsen und sind aktuell schon die größten ökonomischen Bereiche sowohl hinsichtlich Arbeitsplätzen wie auch Anteil am Bruttosozialprodukt. Exemplarisch lässt sich das an zwei Beispielen illustrieren: Das aktuelle Rahmenprogramm Gesundheitsforschung der Bundesregierung³ nimmt explizit auf die Bioinformatik und ihre Teilgebiete als förderungswürdige Komponenten oder als Basistechnologie Bezug. Ein anderes aktuelles Beispiel bietet die COVID-19 Pandemie, wo Bioinformatik hilft, das Krankheitsgeschehen auf molekularer Ebene zu verstehen und Zielstrukturen für mögliche Impfstoffe schnell und effektiv vorzuselektieren und die neuartigen mRNA Impfstoffe zu designen bzw. auf Virus-Mutationen anzupassen.

Die Bioinformatik insgesamt stellt sich der Herausforderung der systematischen Bearbeitung biologischer Daten durch geeignete theoretische Verfahren und Algorithmen unter Berücksichtigung der aktuellen technischen Möglichkeiten, natürlich insbesondere auch aktueller Entwicklungen im maschinellen Lernen („deep learning“) und der künstlichen Intelligenz. Moderne Technologien der molekularen und zellulären Biologie und Biochemie generieren große, komplexe und hoch informative Datenmengen. Mit dem Ziel, diese Daten zu auswerten, steht die Bioinformatik im Mittelpunkt der Wertschöpfung zwischen Grundlagenforschung bis hin zu datenbasierten Methoden der medizinischen Diagnose und Therapie. Nur mit den von der Bioinformatik entwickelten, ausgefeilten Computersystemen und Softwarewerkzeugen ist die Extraktion von Wissen möglich,

¹ <https://www.bioinformatik.de/de/> abgerufen am 20.4.2021, 17 Uhr

² <https://www.bioinformatik.de/de/bioinformatik-3/was-ist-bioinformatik.html> abgerufen am 20.4.2021, 17 Uhr

³ https://www.gesundheitsforschung-bmbf.de/files/Rahmenprogramm_Gesundheitsforschung_barrierefrei.pdf

auf dessen Basis dann z. B. Fachkräfte aus der Biologie oder Medizin weitere Entscheidungen treffen können. Ohne die Möglichkeit zur Auswertung wären diese Daten nutzlos. Damit ist die Bioinformatik vor allem eine forschende Disziplin. Vorhandene Daten werden aus eigenem Antrieb zum Zweck des Wissensgewinns für die Lebenswissenschaften ausgewertet oder es wird direkt problembezogene Unterstützung für Lebenswissenschaftler geleistet. Die dabei auftretenden technischen Herausforderungen können wiederum als Entwicklungsimpulse ins Feld der Informatik zurück gespiegelt werden.

Im Wesentlichen erfolgt dabei die Analyse und Interpretation biologischer Daten im Kontext umfangreicher biologischer Theorie. So ermöglicht es 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, etc.) ist dabei nicht mehr deskriptiv, sondern nur noch strukturiert erfassbar.

Dazu wird u.a. auf Methoden aus den Bereichen Big Data, Künstliche Intelligenz, Maschinelles Lernen und Statistik zurückgegriffen, um durch die Analyse großer Datenmengen Aussagen über den vorherrschenden Zustand sowie über Konsequenzen einzelner Abweichungen zu treffen. Da viele Daten direkt oder indirekt von und mit Menschen, deren Individualität und Gesundheit zu tun haben, stellt die immanente Berücksichtigung von ethischen und juristischen Grundsätzen einen grundlegenden Aspekt bioinformatischer Arbeiten dar.

Die Bioinformatik schafft mit Hilfe ihrer Methoden (Algorithmen, Lernverfahren, KI Systemen) erst die Voraussetzungen für die sinnvolle Anwendung von Hochdurchsatztechnologien in der lebenswissenschaftlichen Forschung und dem klinischem Alltag und bildet als Schnittstellenwissenschaft die dafür benötigten hochqualifizierten Wissenschaftler aus. Hochdurchsatztechnologien erfassen – alternativ zu klassischen Experimenten – Datenräume (d.h. mögliche Ausprägungen von Parametern) durch Anwendung von sog. *omics-Technologien⁴ wie der quantitativen Messung der Gen- und Proteinexpression oder des Metaboloms (Gesamtheit aller Stoffwechselprodukte). Diese Datenräume sind hoch komplex, ihre Modellierung sowie die Integration sehr großer heterogener Informationsquellen stellen große Herausforderungen an die verwendeten Werkzeuge und Fähigkeiten der Analysten.

1.2 Strategische Bedeutung des Studiengangs

Die Technische Universität München hat als eine der ersten Universitäten in Deutschland einen Studiengang Informatik angeboten. Mittlerweile ist das Angebot auf 12 verschiedenen Studiengänge angewachsen (**Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.**).

⁴ 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.

Bachelor- und Masterstudiengänge an der Fakultät für Informatik



Abbildung 1: Studiengänge an der Fakultät für Informatik der TUM

Im Jahr 2000 wurde der Studiengang Master Bioinformatik gemeinsam von der Ludwig-Maximilians-Universität und der Technischen Universität München zusammen mit dem Max-Planck- Institut für Biochemie und dem Helmholtz Zentrum München gegründet. Die Bioinformatik ist ein relative junge und zahlenmäßig (noch) kleine Wissenschaft, die aus Spezialisierungen der Elternbereiche Informatik und Biologie entstanden ist. Deswegen stehen einer großen Vielfalt an Forschungsgebieten an den einzelnen Fakultäten jeweils nur wenige einschlägige Anbieter zur Verfügung. Im vorliegenden Studiengang bündeln die Ludwig-Maximilians-Universität und die Technische Universität München jeweils Ressourcen aus den fünf beteiligten Fakultäten, um ein umfassendes und vielfältiges Angebot für die Studierenden anbieten zu können. Die Einbettung in die beiden Universitäten erlaubt es, für die Studierenden eine große Anzahl an hochwertigen Importmodulen in den Bereichen Informatik, Mathematik, Biologie und Biochemie bereit stellen zu können, während die dedizierten Bioinformatikgruppen sich gegenseitig komplementieren und somit ein breites Angebot an einschlägigen Modulen und Forschungsthemen aus der Bioinformatik anbieten können. Die guten Kontakte mit den lebenswissenschaftlichen und medizinischen Fakultäten sowie den beteiligten externen Forschungsinstituten erlauben es, aktuelle Entwicklungen zeitnah aufzugreifen und in die Bioinformatik-Forschung und -Ausbildung zu integrieren. Die externen Institute erweisen sich hierbei oft als hilfreich, da sie durch die Einrichtung von thematisch fokussierten Nachwuchsgruppen neben den universitären Tenure-Track-Professuren eine schnellere Reaktion auf neueste Entwicklungen zeigen können als dies z. B. durch die Neubesetzung von Lehrstühlen möglich ist.

Ziel des Masterstudiengangs ist es, Kenntnisse und Fähigkeiten zur Entwicklung und Anwendung entsprechender bioinformatischer Methoden und Infrastrukturen auf dem Niveau selbständiger wissenschaftlicher Arbeit zu vermitteln. Dabei kann es sich um selbst identifizierte Fragestellungen

handeln oder um unterstützende Forschung im Rahmen von Kooperationen. Dabei kann es sich um Methoden der biomedizinischen Grundlagenforschung, der mathematischen Modellierung biologischer Prozesse, der Biotechnologie und der klinischen Forschung einschließlich der Entwicklung innovativer diagnostischer und therapeutischer Verfahren handeln. Dazu wird das im Bachelor erworbene Grundlagenwissen sowohl verbreitert als auch vertieft. Die Studierenden können aufgrund der großen Wahlfreiheit ihre Schwerpunkte selbst setzen und werden an die selbstständige wissenschaftliche Arbeit herangeführt.

2 Qualifikationsprofil

Die Bioinformatik baut auf den theoretischen Grundlagen der Informatik, Chemie, Biologie und der Mathematik auf. Sie entwickelt Analysemethoden, Modelle und Vorhersagen zur Interpretation biologischer Daten, insbesondere für Molekularbiologie und Medizin. Die in den Ursprungsdisziplinen Informatik, Mathematik, Biologie und Chemie als unverzichtbar betrachtete Grundlagen sowie grundlegende Standardverfahren der Bioinformatik werden im Bachelor Bioinformatik vermittelt und so das Fundament für den Master Bioinformatik gelegt. Aktuelle Entwicklungen in der Algorithmik, der Programmierung, der Datenanalyse, des maschinellen Lernens und der künstlichen Intelligenz sind selbstverständlicher Bestandteil des Qualifikationsprofils des Masterstudiengangs Bioinformatik.

Das Qualifikationsprofil setzt sich aus den folgenden Komponenten zusammen:

2.1 Wissen und Verstehen

2.1.1 Wissensverbreiterung

Um die Forschungsbefähigung durch eine verbreiterte Basis zu verbessern, haben die Absolventinnen und Absolventen zusätzliche Fächer vor allem aus den Bereichen Informatik/Mathematik und Biologie/Biochemie belegt, die noch nicht im Bachelorstudium abgedeckt wurden. Sie haben sich neue Kenntnisse angeeignet, die sie befähigen, durch die Sichtung von Fachpublikationen erste Ideen zu neuen Forschungsfragen zu identifizieren. Nach der ersten Forschungsidee kann es nötig sein, die spezifischen Kenntnisse zum Thema noch weiter vertiefen zu müssen. Sie sind aber in der Lage Fachpublikationen zu einem identifizierten Forschungsthema zu finden und zu verstehen.

Exemplarisch geben wir im Folgenden mögliche Beispiele an: Im Bereich der Bioinformatik werden ihre Kenntnisse um spezialisierte Algorithmen für Graphen und Netzwerke, Proteinvorhersage und der Umgang mit omics-Daten erweitert. Damit erschließt sich den Absolventen der Zugang zum weiten Feld der -omics-Daten mit ihren vielfältigen Abhängigkeiten und Netzwerken und den daraus resultierenden Fragestellungen.

Im Bereich der Biologie/Biochemie könnte es sich um Themen wie Evolutionsgenetik, Genomik, Hochdurchsatztechnologien, CRISPR/CAS oder Genetik von Modellorganismen handeln. Die Studierenden verstehen nach dem Abschluss dieser Module die biologische Theorie dieser Themen und ihrer Auswirkungen auf ihre (eigenen) Forschungsthemen. Damit können sie ihre eigenen Forschungsexperimente zielgerichteter planen und die Ergebnisse besser interpretieren.

Im Bereich der Informatik haben sie ihr Wissen z. B. um neue effiziente Algorithmen und Datenstrukturen, Ansätze des Softwareengineering, Maschinelles Lernen, mathematische Modellierung und Methoden aus dem Bereich Big Data und NoSQL-Datenbanken ergänzt. Die Absolventen sind damit in der Lage leistungsfähigere Methoden hinsichtlich von Ausführungszeit oder Speicherplatzverbrauch auszuwählen oder bei Bedarf selbst zu entwickeln.

2.1.2 Wissensvertiefung

Die Absolventinnen und Absolventen des Studiengangs haben ihre Forschungsbefähigung durch die Vertiefung ihres Wissens, vor allem im Bereich der Bioinformatik, weiter verbessert. Sie haben weitere und komplexere Algorithmen z. B. zur Sequenzanalyse verstanden und können diese anwenden. Bei den statistischen Analyseverfahren sind sie neben den klassischen Methoden nun auch randomisierte und bayesianische Methoden vertraut. Sie beherrschen gängige Methoden des maschinellen Lernens, haben die theoretischen Grundlagen verstanden und können die verschiedenen Modelle nach ihren Anforderungen parametrisieren und an ihre praktischen Erfordernisse anpassen. Durch ihre vertieften Kenntnisse können sie in den jeweiligen Themengebieten direkt Forschungsfragen, deren erfolgreiche Bearbeitung publikationswürdig wäre, identifizieren und bearbeiten. Ihre vertiefte Methodenkenntnisse ermöglichen es ihnen, eine der Forschungsfrage angemessene Forschungsmethode auszuwählen. D. h. sie können aus einem Arsenal einfacherer und komplexerer Methoden diejenige auswählen, die der Forschungsfragen im Hinblick auf Aufwand und Nutzen am angemessensten ist. Sie können diese Auswahl verteidigen und die erzielten Ergebnisse im Kontext der Fragestellung interpretieren.

2.1.3 Wissensverständnis

Die Absolventinnen und Absolventen des Studiengangs Master Bioinformatik können aufgrund ihrer Kenntnisse und ihres Verständnisses der biologischen, biochemischen Zusammenhänge und methodischen Möglichkeiten selbstständig neue Fragestellungen aus den Bereichen Medizin oder Biologie identifizieren und entsprechende Forschungsprojekte entwerfen. Bei komplexen Fragen von Medizinerinnen und Medizinern sowie Biologinnen und Biologen leisten Sie Hilfestellung oder beantworten diese komplett. Die Absolventinnen und Absolventen sind in der Lage, neueste – noch in der Erprobung – befindliche Algorithmen oder Modelle basierend auf Maschinellern Lernen (z.B. verschiedene auf Deep Learning basierende Vorhersagewerkzeuge) und der künstlichen Intelligenz (z.B. automatisierte Inferenzsysteme) auf neue experimentelle und klinische Messungen („Deep Phenotyping“) anzuwenden und die Belastbarkeit und Bedeutung ihrer Ergebnisse – auch im Licht ungesicherter oder noch unvollständiger biologischer Theorien – abzuschätzen.

2.2 Einsatz, Anwendung und Erzeugung von Wissen

2.2.1 Nutzung und Transfer

Die Absolventinnen und Absolventen des Studiengangs Master Bioinformatik sind in der Lage Fragestellungen aus der biologischen und medizinischen Forschung selbstständig zu erkennen, selbstverantwortlich zu bearbeiten und die Ergebnisse sowohl mit Lebenswissenschaftlern als auch Laien kommunizieren. Sie schöpfen dazu aus ihrem eigenen Methodenportfolio oder sind in der Lage in der Literatur beschriebene Ansätze auf ihr eigenes Projekt zu übertragen. Damit generieren sie eigenständig neues Wissen. Daneben sind sie in der Lage auch angeforderte Unterstützung für biologische oder medizinisch orientierte Forschungsgruppen zu leisten. Das Produkt eines Bioinformatikprojektes ist in erster Linie Wissen und prototypische Software. Die nachhaltige Kommerzialisierung der Ergebnisse inklusive von Wartung und Service ist nachrangig.

2.2.2 Wissenschaftliche Innovation

Die Absolventinnen und Absolventen des Studiengangs Master Bioinformatik sind in erster Linie forschend tätig. Absolventinnen und Absolventen des Masters Bioinformatik sind in der Lage, eigenständig Fragestellungen aus der biologischen und medizinischen Forschung zu identifizieren und zu formalisieren, 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 und der Formulierung einer Forschungs idee, der Planung der Experimente, der Durchführung und Auswertung der Experimente ein. Sie interpretieren die Ergebnisse im Wissenskontext und kommunizieren über ihre Erkenntnisse mit den Kolleginnen und Kollegen innerhalb der Disziplin, mit den kooperierenden Parteien aus den Lebenswissenschaften, der Informatik, der Mathematik und den interessierten Laien.

2.3 Kommunikation und Kooperation

Die Absolventinnen und Absolventen des Studiengangs Master Bioinformatik können sowohl proaktiv als auch reaktiv und selbstständig über Fragestellungen aus der Medizin oder Biologie mit den entsprechenden Fachwissenschaftlerinnen und -wissenschaftlern kommunizieren und in Kooperationsprojekten umsetzen. Dabei sind sie in der Lage, Ergebnisse in Form von Veröffentlichungen dem breiten Fachpublikum zu präsentieren, genauso wie sie in der Lage sind, genaue technische Anforderungen an beteiligte Informatik-Spezialistinnen und -Spezialisten zu formulieren.

2.4 Wissenschaftliches Selbstverständnis / Professionalität

Die Absolventinnen und Absolventen des Studiengangs Master Bioinformatik sind sich den Regeln der guten wissenschaftlichen Praxis bei der Durchführung ihrer Arbeit bewusst.

Daneben aber sind sie sich genauso der Bedeutung ihrer Ergebnisse bewusst, wenn es sich z.B. um gesundheitlich relevante Aussagen handelt. Sie wissen um die Belange des Datenschutzes und damit verbundener Konsequenzen beim Umgang mit personalisierten Daten und können sich entsprechend verhalten und das bei ihren Projekten berücksichtigen. Fast alle aktuellen bioethischen Fragestellungen werden durch die in der Bioinformatik adressierten Problemstellungen berührt. Die Absolventen des Masterstudiengangs haben gelernt, bioethische Aspekte zu reflektieren und zu berücksichtigen.

3 Zielgruppen

3.1 Adressatenkreis

Der Master Bioinformatik erwartet als Eingangsvoraussetzung einen Bachelor Bioinformatik oder einen Abschluss mit gleichwertigem Profil. Während dies bei einem dedizierten Bachelor Bioinformatik in der Regel unstrittig ist, werden andere Abschlüsse inhaltlich im Rahmen des Eignungsverfahrens überprüft.

Das Verfahren ist in der Satzung über das Eignungsverfahren für den Masterstudiengang Bioinformatik an der Ludwig-Maximilians-Universität München und an der Technischen Universität München vom 12. Juli 2007⁵ geändert am 27. Mai 2008⁶ beschrieben.

3.2 Vorkenntnisse

Bewerber und Bewerberinnen beherrschen die Grundlagen der Bioinformatik sowohl theoretisch als auch praktisch. Sie haben die grundlegenden Algorithmen verstanden und sind in der Lage diese selbstständig in den Programmiersprachen Java oder Python zu implementieren. Sie sind mit den in der Bioinformatik gängigen Datenformaten und Datenbanken biologischen Inhalts vertraut und können darauf zugreifen und gezielt Informationen extrahieren. So können sie einfache Methoden des Alignments, der Sequenzanalyse von DNA- und Proteinsequenzen sowie einfache Vorhersagemethoden von Eigenschaften von DNA- und Proteinsequenzen selbst implementieren. Komplexere Analysemethoden sind ihnen theoretisch geläufig.

Im Bereich der Informatik sind sie mit den Grundkonzepten und der Programmierung im Kleinen vertraut. Das bedeutet, dass sie in der Lage sind gegebene Algorithmen zu implementieren und kleine Programme ohne Berücksichtigung von Methoden aus der Softwaretechnik (Programmierung im Großen) zu schreiben. Sie beherrschen die Grundlagen der Programmiersprache Java und können diese anwenden. Daneben beherrschen sie die Konzepte relationaler Datenbanken sowie grundlegender Algorithmen zum Suchen und Sortieren und die häufigsten (abstrakten) Datenstrukturen. Sie sind mit den Grundlagen der theoretischen Informatik, formaler Sprachen und der Komplexitätstheorie vertraut.

Im Bereich der Biologie und Chemie haben sie die theoretischen Grundlagen der allgemeinen Biologie sowie organischen Chemie verstanden. Sie sind mit den grundlegenden Labortechniken der Molekularbiologie (z. B. Gelelektrophorese, DNA-Extraktion, Restriktionsverdau, Klonierung, Sequenzierung) vertraut. In den Grundlagen der Biochemie wissen sie, wie sich die unterschiedlichen Klassen an Makromolekülen aufbauen (Protein, Nukleinsäuren, Lipide, Zucker), ihre biochemischen Eigenschaften und typische Auf-, Ab- und

⁵ <https://cms-cdn.lmu.de/media/contenthub/amtliche-veroeffentlichungen/185.pdf>

⁶ <https://cms-cdn.lmu.de/media/contenthub/amtliche-veroeffentlichungen/252.pdf>

Umbauprozesse. Sie kennen die zentralen Stoffwechselwege und die häufigsten enzymatische Mechanismen. Sie kennen das zentrale Dogma der Molekularbiologie und die Hauptmechanismen zur Replikation, Rekombination, Transkription und Translation der genetischen Information.

3.3 Zielzahlen

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 auf ein reines Bachelor- und Masterstudium auch im Masterstudiengang voll ausgebildet. Während der Anstieg der Anfängerinnen und Anfänger (Abbildung 2) in den Jahren 2015-2017 noch dem doppelten Abiturjahrgang 2011 zugerechnet werden sollte, so ist die Anzahl der Studierenden von 2018 bis 2020 wieder kontinuierlich gewachsen. Positiv ist dabei zu sehen, dass der Frauenanteil über die letzten fünf Jahren mit 46% sehr hoch für ein MINT-Fach liegt. Der Anteil internationaler Studierender liegt im selben Zeitraum bei durchschnittlich knapp 14%.

Die Zahl der entsprechenden Bewerbungen im vorgeschalteten EV-Verfahren kann man in Abbildung 3 sehen. Während die Gesamtzahl an Bewerbungen keinen klaren Trend zeigt, ist der Frauenanteil über die Jahre gestiegen, während der Anteil an internationalen Bewerbungen ebenfalls keinen klaren Trend erkennen lässt.

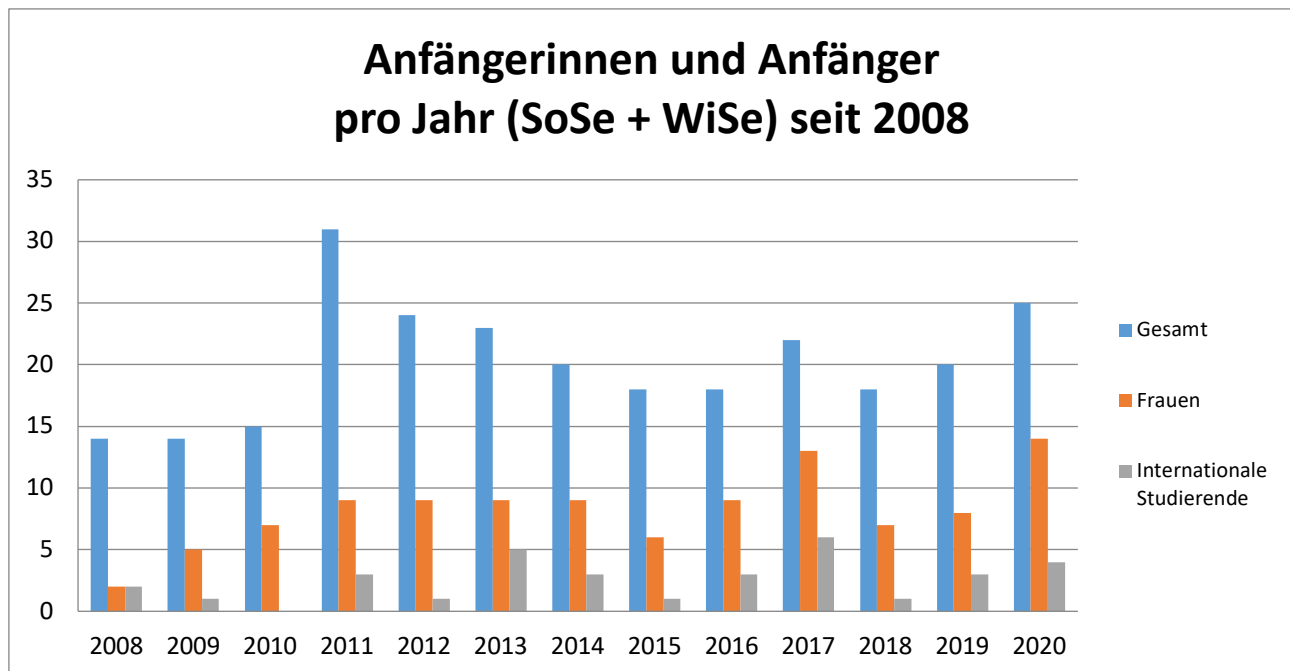


Abbildung 2: Anzahl der Studienanfängerinnen und -anfänger im Masterstudiengang Bioinformatik seit 2008.

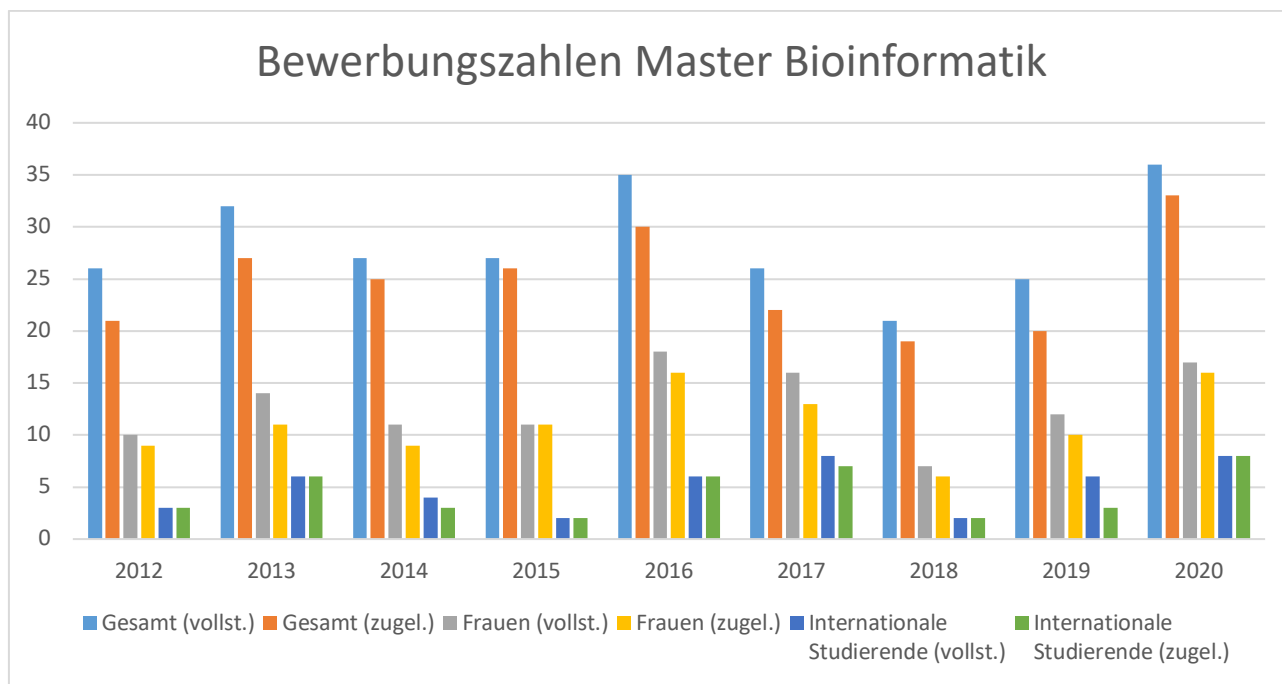


Abbildung 3: Bewerbungszahlen im EV-Verfahren Master Bioinformatik (jeweils für das Sommersemester und das darauffolgende Wintersemester zusammengefasst). Vollst.: Vollständige Bewerbungsunterlagen eingereicht, zugel.: Erfolgreich zum Studium zugelassen.

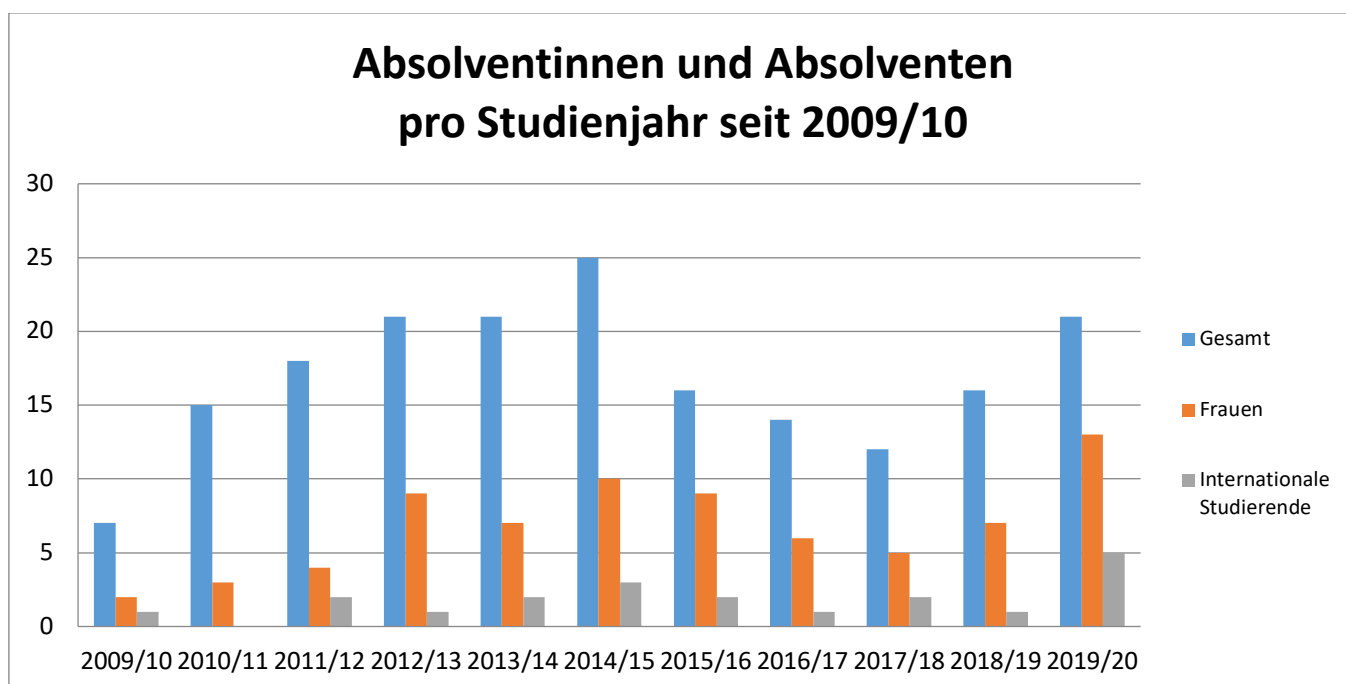


Abbildung 4: Zahlen der Absolventinnen und Absolventen im Masterstudiengang Bioinformatik (jeweils für ein Studienjahr, also das Wintersemester und das darauffolgende Sommersemester zusammengefasst).

Während der Anstieg bei den Zahlen der Absolventinnen und Absolventen (Abbildung 4) in den Jahren bis 2014/15 noch der Umstellung auf das reine Bachelor und Master Programm zugerechnet werden kann, spiegelt sich der doppelte Abiturientenjahrgang 2011 nicht mehr in den

Abschlusszahlen wider. Seit 2017 sind aber wieder konstant wachsende Zahlen zu beobachten. Der Anteil der weiblichen Absolventinnen ist im Vergleich zu den Anfängerinnen leicht auf 49% gestiegen, während der Anteil der internationalen Studierenden ganz leicht auf 13% abfällt.

Erfreulich ist, dass der Anteil der Masterstudierenden, die das Studium nicht erfolgreich mit „endgültig nicht bestanden“ (ENB) beenden, deutlich unter 5% liegt. Daneben gibt es einen zusätzlichen Schwund von etwa 6% im Durchschnitt über Kohorten der letzten 10 Jahre. Allerdings treten nur etwa 66% der Bachelor-Absolventinnen und -Absolventen in den konsekutiven Master Bioinformatik ein (Abbildung 5). Etwa 6% durchschnittlich nehmen ein anderes Informatik-Studium an der TUM auf. Über die Übertritte an andere Universitäten liegen keine Zahlen vor.

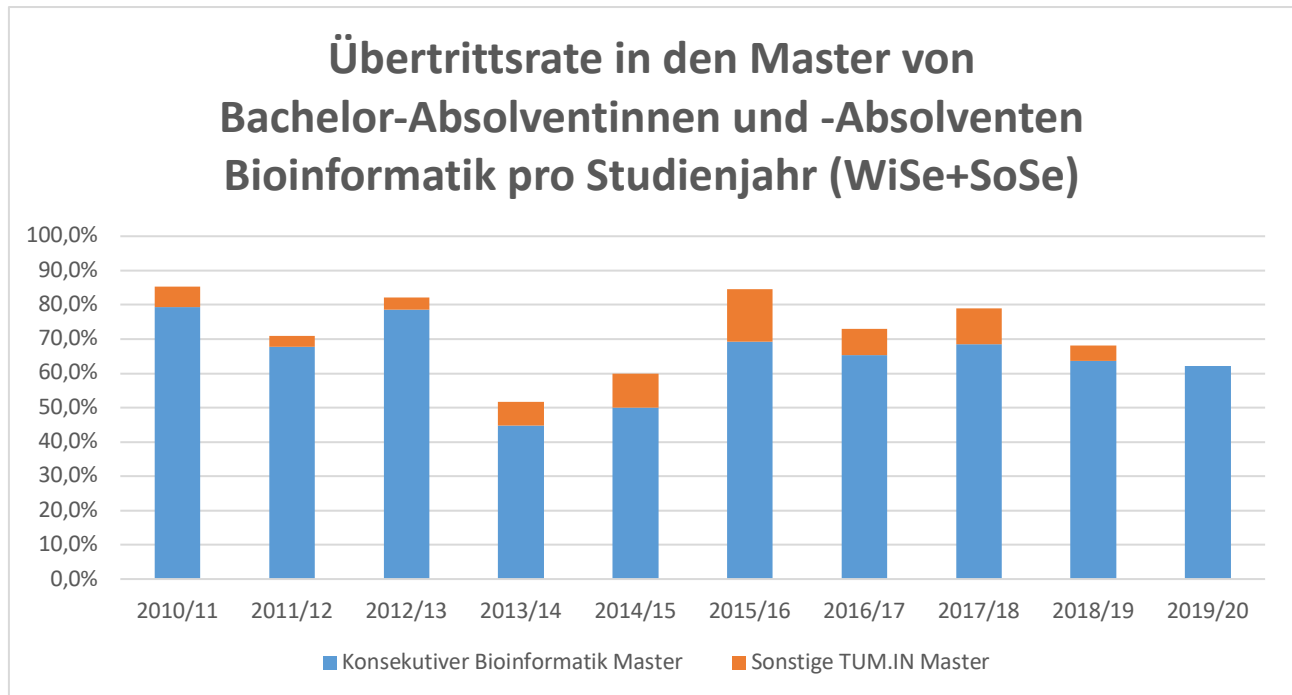


Abbildung 5: Übertrittsrate der Bachelor Bioinformatik-Absolventinnen und -Absolventen in den konsekutiven Bioinformatik-Master sowie anderen Masterstudiengängen der Fakultät für Informatik.

Die Anzahl der Absolventinnen und Absolventen (Abbildung 4) ist bei einer Zahl von etwa 20 Anfängern (Abbildung 2) über die letzten Jahre hinweg eine gute Quote und spricht für eine gute Betreuung und Organisation während des Studiums. Allerdings sollten vor dem Hintergrund aktuell steigender Zahlen von Anfängerinnen und Anfängern im Bachelor gerade bei der Bindung der Studierenden Maßnahmen getroffen werden, um auch im Master die Anzahl der Studierenden zu erhöhen. Um den wachsenden Bedarf an Bioinformatik zu decken sollten 40 Studienanfängerinnen und -anfänger pro Jahrgang angestrebt werden.

4 Bedarfsanalyse

Der Studiengang Master Bioinformatik ist forschungsorientiert. Der primäre Bedarf an diesen Absolventinnen und Absolventen liegt im Umfeld der inner- und außeruniversitären Forschung in den Bereichen Biologie, Medizin, Pharmazie und Bioinformatik. Neben den Universitäten und Großforschungseinrichtungen wären hier noch die forschenden Unternehmen der Pharma- und Chemieindustrie sowie weitere öffentliche Stellen wie Landes- und Bundesanstalten zu nennen. Es gibt keine Arbeitgeber- oder ähnliche Vereinigung, die entsprechende Zahlen formulieren würde. Die Statistik der Bundesagentur für Arbeit über die Zahl der Arbeitslosen und der offenen Stellen ist in dieser Hinsicht nicht aufschlussreich, da nicht nach dem Qualifikationsniveau unterschieden wird.

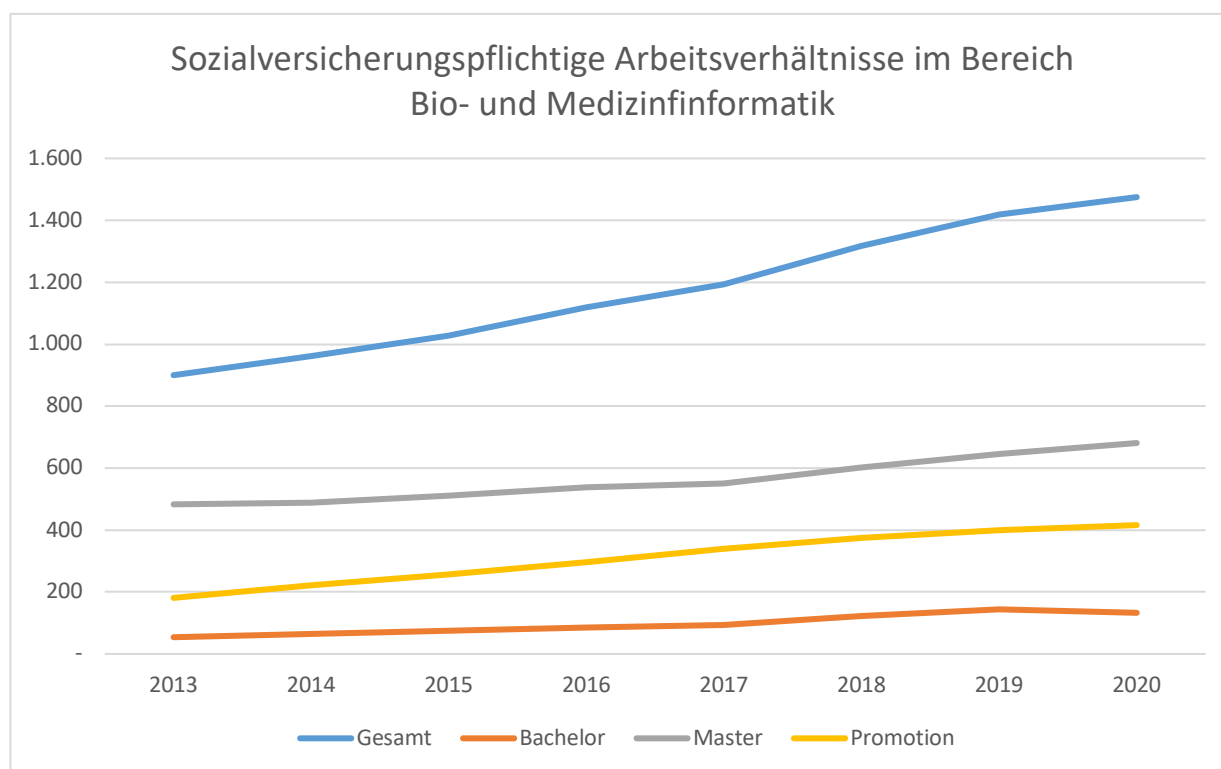


Abbildung 6: Sozialversicherungspflichtige Beschäftigungsverhältnisse im Bereich „Bio- und Medizininformatik-Experte“ bezogen auf die Bundesrepublik Deutschland von 2013 bis 2020.

Aktuelle Zahlen für die gesamte Bundesrepublik (jeweils zum 30. September) der Bundesagentur für Arbeit⁷ über die Entwicklung der sozialversicherungspflichtigen Beschäftigungsverhältnisse in der Berufsgattung „43145 Bio-, Medizininformatik-Experte“ der KldB2 2010 nach den Berufsabschlüssen können benutzt werden, um indirekt auf den Bedarf zu schließen. Die Zahlen zeigen einen klaren Wachstumstrend wie in **Fehler! Verweisquelle konnte nicht gefunden werden.** zu sehen ist. Die Gesamtzahl der dem Bereich Bio- und Medizininformatik zugeordneten Beschäftigungsverhältnisse ist im Zeitraum von 2013 bis 2020 um circa 50% von 900 auf 1472

⁷ Service-Haus der Bundesagentur für Arbeit Statistik/Arbeitsmarktberichterstattung <https://statistik.arbeitsagentur.de/>

gestiegen. Die Anzahl der Beschäftigten mit einem einschlägigen Bachelorabschluss hat sich anteilig dabei mit einem Anstieg von 54 auf 132 mehr als verdoppelt. Während der Anteil der Studierenden mit einem einschlägigen Masterabschluss durch einen Anstieg von 483 auf 681 um circa 40% in etwa dem Gesamttrend folgte, zeigte sich der größte proportionale Anstieg im Bereich der Promovierten: Von 181 stiege deren Anteil auf 416 um circa 230% an. Dies ist ein klares Indiz für die guten Arbeitsplatzchancen wissenschaftlich ausgebildeter Absolventinnen und Absolventen des konsekutivem Masters Bioinformatik im Vergleich zur Qualifikation des Bachelor Bioinformatik allein. Noch größer sind ihre Chancen, wenn sie ihre forschungsorientierte Ausbildung danach auch noch durch eine Promotion abschließen. Geht man davon aus, dass in Folge der Interdisziplinarität Bioinformatik-Absolventen und -Absolventinnen häufig an der Schnittstelle zur Biologie/Biochemie/Medizin/Pharmazie arbeiten, muss man auch davon ausgehen, dass ein gewisser Anteil der Beschäftigungsverhältnisse hier nicht korrekt erscheint und die wahren Beschäftigungszahlen sogar noch höher sind.

5 Wettbewerbsanalyse

5.1 Externe Wettbewerbsanalyse

Die Bioinformatik ist international und national gesehen eine zahlenmäßig relativ kleine Disziplin, die nur von wenigen Universitäten angeboten wird, verglichen mit Fächern wie Informatik, Mathematik, Biologie oder Medizin. International gesehen herrscht in angelsächsisch geprägten Ländern eher der Begriff der „Computational Biology“ vor, was häufig auch einer größeren Nähe zu Biologie entsprach. „Bioinformatics“ ist eher festlandeuropäisch geprägt und legt mehr Gewicht auf den methodischen, d. h. den algorithmischen Anteil. Heute sind diese Unterschiede oft nur noch historischer Art.

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. Die Absolventinnen und Absolventen sind hoch begehrte Doktorandinnen und 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. Da alle vergleichbaren Studiengänge deutsche Sprachkenntnisse voraussetzen, sehen wir dies als unsere primäre Konkurrenz an. Nachweisbare Kenntnisse der Deutschen Sprache stellen im Hinblick auf die internationale Konkurrenz möglicherweise einen Nachteil dar.

Mindestens 35⁸ bzw. 47⁹ universitäre Einrichtungen in Deutschland bieten im Wintersemester 2020/21 die Möglichkeit Bioinformatik zu studieren, die Inhalte variieren stark. In 13 von diesen ist ein Abschluss in der Bioinformatik das Hauptziel (Tabelle 1), in den anderen ist Bioinformatik ein Nebenfach oder eine mögliche Spezialisierung eines Studiums in einem anderen Fach.

BIM ragt aus der Liste der Einrichtungen, die in Deutschland Bioinformatik lehren, eindeutig in Bezug auf die Anzahl der international in dem Feld der Bioinformatik renommierten, an der Lehre beteiligten Forschungsgruppen heraus (Tabelle 1). Die Münchner Bioinformatik genießt hohes internationales Ansehen und schneidet 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; dazu kommen diverse Zentren und Graduiertenschulen im Bereich KI und Data Science an beiden Universitäten und dem Helmholtzzentrum).

Im Hinblick auf die reine Anzahl der vor Ort vorhandenen Forschungsgruppen¹⁰ kommt München nach Heidelberg und Berlin zwar an dritter Stelle, aber in München tragen praktisch alle Gruppen aktiv zum Curriculum bei, während der Großteil der Gruppen in Heidelberg und Berlin durch außeruniversitäre Großforschungseinrichtungen beigetragen wird.

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
TH Deggendorf	1	2019	Deutsch/Englisch
J.-W.-Goethe Univ. Frankfurt	1	2006	Deutsch/Englisch
Techn. Hochschule Mittelhessen, Gießen / J.-L.-Univ. Gießen	3	2012	Deutsch

⁸ <https://www.bioinformatik.de/de/bioinformatik-in-deutschland-3/ausbildung/master-of-science.html>

⁹ https://www.hochschulkompass.de/studium/studiengangsuche/erweiterte-studiengangsuche/search/1/studtyp/3.html?tx_szhksearch_pi1%5Bfach%5D=Bioinformatik&tx_szhksearch_pi1%5Babschluss%5D%5B0%5D=37&tx_szhksearch_pi1%5Bresults_at_a_time%5D=50

¹⁰ <https://www.bioinformatik.de/de/bioinformatik-in-deutschland-3/forschung/zentren.html>

Martin-Luther-Univ. Halle-Wittenberg	3	2005	Deutsch
Univ. Hamburg	3-5	2009	Deutsch/Englisch
Friedrich Schiller Univ. Jena	2	2001	Deutsch/Englisch
Univ. Leipzig	2	2013	Deutsch
LMU/TUM München	8-12	2000	Deutsch
Univ. Potsdam	1	2008	Deutsch/Englisch
Univ Saarland Saarbrücken	4-7	2000	Deutsch
Eberhard Karls Univ Tübingen	5	2004	Deutsch

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.

Universität	Land	Sprache
Aberdeen	England	Englisch
Amsterdam	Niederlande	Englisch
Bergen	Norwegen	Englisch
Bologna	Italien	Englisch
Bruxelles	Belgien	Französisch
Copenhagen	Dänemark	Englisch
Dundee	England	Englisch
Edinburgh	Schottland	Englisch
Ghent	Belgien	Flämisch/Englisch
Glasgow	Schottland	Englisch
Helsinki	Finnland	Englisch
Leeds	England	Englisch
Leuven	Niederlande	Englisch

Linz	Österreich	Deutsch
ICL London	England	Englisch
UCL London	England	Englisch
Lund	Sweden	Englisch
DTH Lyngby	Dänemark	Englisch
Manchester	England	Englisch
Nijmegen	Niederlande	Englisch
Oxford	England	Englisch
Univ Paris VII	Frankreich	Französisch
SIB (Swiss Inst. for Bioinformatics) Lausanne, Basel, Genf	Schweiz	Englisch
Skövde	Schweden	Englisch
Stockholm KTH	Schweden	Englisch
Stockholm Univ	Schweden	Englisch
Uppsala	Schweden	Englisch
Weizmann Inst. Rehovot	Israel	Englisch
York	England	Englisch
Zurich (ETH + Univ)	Schweiz	Englisch

5.2 Interne Wettbewerbsanalyse

Studiengänge mit verwandtem Profil: Bei den im Titel ähnlich genannten Studiengänge *Biomedical Computing* (IN) oder *Molekulare Biotechnologie* (WZW) an der Technischen Universität München handelt es sich um Studiengänge, die sich inhaltlich deutlich in 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. Unter technologischer Nutzung ist hier die Entwicklung bis zum kommerziell nutzbaren Produkt und entsprechender Produktionsmethoden für ökonomisch relevante Größenordnungen zu verstehen.

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. Diese technologischen Anwendungen liegen insbesondere in der Hard- und Softwareentwicklung für die bildgebende

Diagnostik und die Unterstützung operativer Eingriffe mittels erweiterter Realität (AR, Augmented Reality).

6 Aufbau des Studiengangs

Der Master Studiengang Bioinformatik ist auf vier Semester ausgelegt. In jedem Semester sollen 30 CP erworben werden. Er dient der Vertiefung der im Bachelorstudiengang erworbenen Kompetenzen und legt besonderes Augenmerk auf Hinführung zum selbstständigen Forschen. Die große Wahlfreiheit ermöglicht es den Studierenden selbst über ihre künftigen Forschungsschwerpunkte zu entscheiden und sich gezielt darauf vorzubereiten. Ein wichtiger Aspekt ist dabei die Berücksichtigung der rasanten aktuellen methodischen Entwicklungen.

Da es im Master Bioinformatik um die Befähigung zur selbstständigen Forschung geht, müssen Studierende forschungs- und methodenorientierte Module im Umfang von mindestens 45 CP (12 CP für das Pflichtmodul Masterpraktikum Bioinformatik, 33 CP aus dem Wahlmodulkatalog Methoden und Forschung) einbringen. Das Modul Masterpraktikum Bioinformatik wird von den drei beteiligten Bioinformatik-Lehrstühlen und dem ICB/Helmholtz-Zentrum München (Prof. Theis, TUM MA) mit unterschiedlichen Schwerpunkten angeboten wird.

Zur Unterstützung der eigenständigen Forschung durch eine Erweiterung der Grundlagen, müssen jeweils weiter 15 CP aus Wahlmodulkatalog Theorie Informatik, Mathematik und Statistik sowie 15 CP aus dem Wahlmodulkatalog Biologie/Biochemie/Chemie eingebracht werden.

Nach Abzug der Masterarbeit (30 CP) bleiben 15 CP übrig, die frei aus diesen drei Wahlfachkatalogen eingebracht werden können, um die Mindestanzahl von 120 CP zu erreichen. Dies gibt den Studierenden zusätzlichen Spielraum im Hinblick auf ihre beabsichtigte Spezialisierung.

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 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler aktuelle Fragestellungen bearbeiten, sowie in Referaten und Diskussionen mit ihren Kommilitoninnen und Kommilitonen die gewonnenen Ergebnisse darstellen und verteidigen. Großer Wert wird auf den Umgang mit der (ausschließlich englischen) Originalliteratur gelegt.

Da viele dieser Themen von hoher gesellschaftlicher Relevanz sind (z.B. Personalisierte Medizin, Genomanalyse, genetische Marker, Krankheitsursachen und -folgen, etc) erscheint es sinnvoll, in diesem Rahmen auch die künftige zivilgesellschaftliche, politische und kulturelle Rolle der Absolventinnen und Absolventen zu diskutieren und zu reflektieren. Die Studierenden sollen nach dem Bestehen des Moduls mit Hilfe der darin gewonnenen Erfahrungen in der Lage sein, gesellschaftliche Prozesse kritisch, reflektiert sowie mit Verantwortungsbewusstsein und in demokratischem Gemeinssinn maßgeblich mitzugestalten.

Das frei gestaltbare *Fortgeschrittenenpraktikum* ermöglicht es den Studierenden neben dem Masterpraktikum und der Masterarbeit zusätzliche Forschungserfahrung durch die Mitarbeit in Forschungsgruppen oder der Industrie zu sammeln. Damit haben die Studierenden eine weitere

Möglichkeit Themen ihrer Interessen und Neigungen zu vertiefen. Aufgrund der großen zeitlichen Flexibilität wird die Studierbarkeit anhand von exemplarischen Stundenplänen gezeigt.

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 Wahlbereich Theorie Biologie wird durch ausgesuchte, spezialisierte Module erweitert (funktionelle Genomanalyse, Strukturbiologie, Genetik). Im Wahlbereich Theorie 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. Im Kernbereich Methoden und Forschung erlernen die Studierenden die Bearbeitung der *omics Daten (Next Generation Sequencing, Transkriptomanalyse, Epigenetik, Systembiologie, Synthetische Biologie etc.).

Im Bereich Methoden und Forschung werden die Studierenden durch aktive Teilnahme an den Forschungsprojekten der Lehrstühle an die wissenschaftliche Arbeit herangeführt. Dabei lernen sie die streng strukturierten abstrakten Ergebnisse der Datenanalyse zur kausalen Interpretation komplexer biologischer Prozesse zu nutzen und neue wissenschaftliche Erkenntnisse zu gewinnen. 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 Professorinnen bzw. Professoren der Bioinformatik Themenstellerin bzw. Themensteller oder Gutachterin bzw. Gutachter. Nicht selten resultieren aus Masterarbeiten bereits wissenschaftliche Publikationen.

Die in der Fachprüfungs- und Studienordnung (FPSO) aufgeführten Kataloge an Wahlmodulen umfassen nur einen kleinen Teil der tatsächlich möglichen Auswahl. Der Grund dafür liegt vor allem darin, dass eine kürzere Liste leichter und zeitnäher gepflegt werden kann. Es sind vor allem etablierte, langfristig angebotene und häufig belegte Module aufgeführt. Darüber hinaus verwaltet der Prüfungsausschuss sogenannte „white lists“, mit Modulen die inhaltlich relevant sind und ohne Einzelfallprüfung belegt werden können. Dies ermöglicht es, schnell z. B. auf neue Angebote von Tenure-Track Professoren reagieren zu können bzw. ausfallende Angebote zu streichen. Darüber hinaus kommt es auch regelmäßig zu Einzelfallprüfungen, wenn Studierende ihr Profil durch thematisch passende Module aus den angrenzenden Bereichen (z. B. Mathematik, Informatik, Biologie, Biochemie, Biophysik, Medizin, Agrarwissenschaften, etc.) schärfen möchten.

Überfachliche Grundlagen als eigenständige Module sind im Masterstudium Bioinformatik fakultativ vorgesehen, so werden Seminare zu Grundlagen der Wissenschaftstheorie oder Ethikfragen angeboten. *Softskills* wie Zeit- und Selbstmanagement, Projektplanung und Konfliktlösung in der Gruppe werden im Rahmen von Projekten und Praktika erarbeitet.

Innerhalb der Regelstudienzeit von vier Semestern wird als Mobilitätsfenster für einen Auslandsaufenthalt generell das Wintersemester empfohlen. Es hat sich herausgestellt, dass für das Masterpraktikum (als einziges Pflichtmodul) im Ausland nur schwer gleichwertige Module zu finden sind. Bei anderen Modulen ist es häufig einfacher, in Abstimmung mit dem Prüfungsausschuss, anderweitig erbrachte Leistungen anerkennen zu lassen. Besonders gut bietet sich im Zusammenhang mit einem Forschungsprojekt das Modul des Fortgeschrittenpraktikums an, mit

welchem die Arbeit an Forschungsprojekten in Gruppen im In- und Ausland mit 12 CP anerkannt werden kann. Dadurch können Studierende sowohl ihre Forschungs- als auch gleichzeitig ihre kulturelle Kompetenz erhöhen.

Studienplan

Im Folgenden sind in den Tabelle 3 und Tabelle 4 mögliche Studienpläne für den BIM Master mit Beginn zum Sommer- bzw. Wintersemester dargestellt.

Tabelle 3: Studienplan mit Studienbeginn Sommersemester

Semester	Module				Credit Points/ Prüfungsanzahl	
1.	Masterpraktikum Bioinformatik (Pflicht) Laborleistung 12 CP	IN5021 Algorithmische Bioinformatik: Systeme und Netzwerke (Wahl) schriftlich 9 CP	IN5043 Knowledge Discovery in Databases II (Wahl) schriftlich 6 CP	IN5065 Biochemie VI - Model Organisms (Wahl) schriftlich 3 CP	30 / 4	
2.	WZ8096 Modellierung Biologischer Makrokolemüle (Wahl) schriftlich 6 CP	WZ0402 Strukturbioinformatik (Wahl) schriftlich 5 CP	IN2309 Advanced Topics in Software Engineering (Wahl) schriftlich 8 CP	IN5037 Evolutionary Genetics (Wahl) schriftlich 6 CP	IN5062 Biochemie IV (Wahl) schriftlich 6 CP	31 / 5
3.	IN5020 Algorithmische Bioinformatik: Bäume und Graphen (Wahl) schriftlich 9 CP	IN2221 Protein Prediction I for Bioinformaticians (Wahl) schriftlich 8 CP	IN2017 Computer Grafik (Wahl) schriftlich 6 CP	IN2083 Projektorganisation und Management in der Softwaretechnik (Wahl) schriftlich 6 CP		29 / 4
4.	Master's Thesis (Pflicht) 30 CP				30 / 1	

Legende:	grün = Bioinformatik
	blau = Informatik/Mathematik/Statistik
	gelb = Biologie/Biochemie/Chemie
	schraffiert = Pflicht

Summe: 79 CP
Summe: 26 CP
Summe: 15 CP

Vorausgesetzt laut FPSO:
min. 45 CP
min. 15 CP
min. 15 CP
Freie Wahl: 15 CP + 30 CP Master's Thesis

Tabelle 4: Studienplan mit Studienbeginn Wintersemester

Semester	Module				Credit Points/ Prüfungsanzahl	
1.	WZ8096 Modellierung Biologischer Makrokolemüle (Wahl) schriftlich 6 CP	WZ0402 Strukturbioinformatik (Wahl) schriftlich 5 CP	IN5085 Parallel Computing (Wahl) schriftlich 6 CP	IN5037 Evolutionary Genetics (Wahl) schriftlich 6 CP	IN5062 Biochemie IV (Wahl) schriftlich 6 CP	29 / 5
2.	Masterpraktikum Bioinformatik (Pflicht) Laborleistung 12 CP	IN5021 Algorithmische Bioinformatik: Systeme und Netzwerke (Wahl) schriftlich 9 CP	IN5043 Knowledge Discovery in Databases II (Wahl) schriftlich 6 CP	IN5065 Biochemie VI - Model Organisms (Wahl) schriftlich 3 CP		30 / 4
3.	IN5019 Algorithmische Systembiologie (Wahl) schriftlich 9 CP	IN5022 Algorithmen auf Sequenzen (Wahl) schriftlich 9 CP	IN2003 Effiziente Algorithmen (Wahl) schriftlich 8 CP	IN2026 Wissenschaftliche Visualisierung (Wahl) schriftlich 5 CP		31 / 4
4.	Master's Thesis (Pflicht) 30 CP				30 / 1	

Legende:	grün = Bioinformatik
	blau = Informatik/Mathematik/Statistik
	gelb = Biologie/Biochemie/Chemie
	schraffiert = Pflicht

Summe: 80 CP
Summe: 25 CP
Summe: 15 CP

Vorausgesetzt laut FPSO:
min. 45 CP
min. 15 CP
min. 15 CP
Freie Wahl: 15 CP + 30 CP Master's Thesis

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.

Nach der Kooperationsvereinbarung von TUM und LMU, ist die LMU federführend in allen Fragen der Immatrikulation und des Eignungsverfahrens. Die TUM ist federführend in allen Prüfungsfragen.

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 einer Vertreterin bzw. einem Vertreter der beteiligten Fakultäten zusammen. Ausnahme ist das Wissenschaftszentrum Weihenstephan (WZW), welches zwei Vertreterinnen bzw. Vertreter stellt. Die vertretenen Fakultäten entsenden ihre jeweiligen Vertreterinnen und Vertreter. Der Prüfungsausschuss tagt regelmäßig 1-2 mal pro Semester. 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 die Vorsitzende bzw. den Vorsitzenden des Prüfungsausschusses (BIPA) stellt. Das Servicebüro „Studium“ der TUM-Informatik stellt die operative Schriftführerin bzw. den operativen Schriftführer. Der BIPA arbeitet eng und einvernehmlich mit den Dozentinnen und 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.

Die Aufsicht über die administrativen Aspekte der Studienorganisation liegt beim TUM Center for Study and Teaching (TUM CST).

Für administrative Aspekte der Studienorganisation sind teils die zentralen Arbeitsbereiche des TUM Center for Study and Teaching (TUM CST), teils Einrichtungen der Fakultät zuständig (s. folgende Übersicht):

- Allgemeine Studienberatung: zentral:
 Studienberatung und -information (TUM CST)
 E-Mailadresse: studium@tum.de
 Telefonnummer: +49 (0)89 289 22245
 bietet Informationen und Beratung für:
 Studieninteressierte und Studierende
 (über Hotline/Service Desk)

- Fachstudienberatung: Prof. Dr. Volker Heun, LMU,
 E-Mail: Volker.Heun@bio.ifi.lmu.de,
 Tel: 089-2180-4341
 Prof. Dr. Ralf Zimmer, LMU,

E-Mail: Ralf.Zimmer@bio.ifi.lmu.de

Tel: +49 89-2180-4052

- Studienbüro, Infopoint oder Ähnliches:

Fakultät f. Informatik,

Raum MI 00.10.014 Tel: 089/289-17593

- Beratung Auslandsaufenthalt/Internationalisierung:

zentral:

TUM Global & Alumni Office

E-Mail: internationalcenter@tum.de

LMU Referat Internationale Angelegenheiten

E-Mail: international@lmu.de

dezentral: Fakultät f. Informatik der TUM

Martina von Imhoff,

E-Mail: imhoff@in.tum.de

Tel: +49 89-289-17553

- Frauenbeauftragte:

Fakultät f. Informatik der TUM

Prof. Dr. Anne Brüggemann-Klein,

E-Mail: frauenbeauftragte@in.tum.de

Tel: +49 89-289-18659

Fakultät f. Mathematik, Informatik und Statistik der
LMU

Prof. Dr. Caroline Friedel

E-Mail: Caroline.Friedel@bio.ifi.lmu.de

Tel: +49-89-2189-4056

- Beratung barrierefreies Studium:

zentral:

TUM Servicestelle für behinderte und
chronisch kranke Studierende und
Studieninteressierte (TUM CST)

E-Mail: Handicap@zv.tum.de

Tel: +49 (0)89 289 22737

LMU Beratungsstelle der Zentralen Studienberatung
(ZSB)

E-Mail: Behindertenberatung@lmu.de

Tel: +49-89-2180-5816

dezentral: Fakultät f. Informatik,
Sibylle Roden-Kinghorst
E-Mail: studienberatung@in.tum.de

Tel: +49 89-289-17284

- **Bewerbung und Immatrikulation:** Studentenkazlei der LMU
Geschwister-Scholl-Platz 1
80539 München
Tel: +49 89-2180-9000
- **Eignungsverfahren:** Fakultät f. Mathematik, Informatik
und Statistik der LMU
Prof. Dr. Ralf Zimmer,
E-Mail: Ralf.Zimmer@ifi.lmu.de
Tel: +49 89-2180-4052
- **Zentrale Prüfungsangelegenheiten:** zentral: Zentrale Prüfungsangelegenheiten
(TUM CST), Campus Garching
Abschlussdokumente, Prüfungsbescheide,
Studienabschlussbescheinigungen
- **Dezentrale Prüfungsverwaltung:** Fakultät f. Informatik,
Willemijn van Gemert
E-Mail: gemert@in.tum.de
- **Prüfungsausschuss:** Prof. Dr. Burkhard Rost (Vorsitzende/r)
Willemijn van Gemert (Schriftführer/in)
- **Qualitätsmanagement Studium und Lehre:**
zentral: Studium und Lehre -
Qualitätsmanagement (TUM CST)
www.lehren.tum.de/startseite/team-hrs1/
dezentral: Fakultät f. Informatik,
Prof. Dr. Thomas Neumann (Studiendekan)
E-Mail: neumann@in.tum.de
Birgit Rosenbaum (QM-Beauftragte),
Dr. Monica Serbu (Organisation QM-Zirkel)

8 Entwicklungen im Studiengang

Es wurden seit der letzten Satzungsänderung 2016 neben der Neufassung der Studiengangsdokumentation die Wahlmodulkataloge in der FPSO und der Studiengangsdokumentation umbenannt und dem aktuellen Angebot angepasst, so z. B. wenn Module nicht mehr (in der bekannten Form) abgehalten wurden oder neue Module in den Katalog aufgenommen wurden.

Die Kapitel Zweck des Studiengangs und Strategie wurden grundlegend überarbeitet.

Das Qualifikationsprofil wurde entsprechend den Vorgaben des HQR neu beschrieben und die Beschreibung des Aufbaus daraufhin abgestimmt.

Die Zahlen und Diagramme zu Bedarf und Nachfrage wurden aktualisiert.