

**Formblatt zur Anerkennung von Lehrveranstaltungen im Masterstudiengang
Bioinformatik**

WICHTIG: Lehrveranstaltung bitte vorab anerkennen lassen!

Titel:

Typ: (V/S/Ü)

Inhalt: (auch als Beiblatt, Auszug aus KVV, Link)

Dozent: (E-Mail, Tel.)

Institut/Fachbereich/Universität:

SWS:

Credits (ECTS):

Die o.g. Lehrveranstaltung kann (nach Maßgabe freier Plätze) von Bioinformatikstudent(inn)en (Master) der Freien Universität Berlin besucht werden. Es werden Credits (ECTS) und Note gemäß der Studienordnung (s. *Erläuterungen) vergeben.

(Max.) Anzahl Teilnehmer:

Vorgeschlagene(r) Schwerpunkt(e):

Datum, Unterschrift des verantwortlichen Dozenten

Wird diese Lehrveranstaltung regelmäßig angeboten? Wenn ja, in welchem Abstand?

Die Anrechenbarkeit im Schwerpunkt _____ des Masterstudienganges wird bestätigt:

Datum, Unterschrift des Prüfungsausschussvorsitzenden

Das ausgefüllte Formular bitte spätestens zwei Wochen nach Semesterbeginn senden an:

*Studien- und Koordinationsbüro Bioinformatik
Arnimallee 14, Raum 1.1.14b
14195 Berlin*

*Erläuterungen: Credits (ECTS) sind ein Maß für den Umfang einer Lehrveranstaltung. 1 Credit entspricht einem Gesamtarbeitsaufwand von ca. 25-30 Stunden für die Studierenden.

Wenn z. B. für eine zweistündige Lehrveranstaltung (2 SWS) 3 Credits vergeben werden, sollten die Studierenden insgesamt (also inklusive Vorbereitung, Nachbereitung, Unterrichts- und Prüfungszeiten) mindestens 75 Stunden dafür aufwenden müssen.

Die Vergabe von Credits setzt eine regelmäßige Teilnahme und einen Leistungsnachweis (Klausur, mündliche Prüfung, Seminarbeitrag etc.) voraus. Jeder Teilnehmer erhält außerdem eine der folgenden Noten: 1,0; 1,3; 1,7; 2,0; 2,3; 2,7; 3,0; 3,3; 3,7; 4,0. Wer nicht bestanden hat, bekommt eine 5,0.

**Studienschwerpunkte im Masterstudiengang Bioinformatik
an der Freien Universität Berlin
§§23-26 der Studienordnung**

- **Schwerpunkt A: Biologische und biochemische Netzwerke**
Biologische und künstliche neuronale Netze, Reaktionsnetzwerke, Neurobiologie, Metabolismus, Simulation lebender Systeme, Genetische Netzwerke
- **Schwerpunkt B: Biologische und biophysikalische Modellierung**
Liganden-Design und Docking, Strukturvorhersage und Konformationsanalyse, Proteinfaltung, Funktionsvorhersage, Moleküldynamik, Effiziente numerische Verfahren
- **Schwerpunkt C: Speicherung und Analyse von Genom- und Proteomdaten**
Sequenzanalyse und Mustererkennung, Datenbanken, Genexpression, Proteomics
- **Schwerpunkt D: Analyse und Visualisierung biologischer Massendaten**
Data-Mining, Mustererkennung, Bildverarbeitung und Visualisierung, Signalerkennung