

|  |   |                                |                             |                                    |
|--|---|--------------------------------|-----------------------------|------------------------------------|
| <b>M4447</b>   | <b>Mathematische Modellierung und statistische Analyse biologischer Systeme</b> |                                |                             |                                    |
|  | <b>Mathematical Modelling and Statistical Analysis of Biological Systems</b>    |                                |                             |                                    |
| <b>Modulverantwortliche/r</b><br>Prof. Dr. Markus Kollmann (markus.kollmann@uni-duesseldorf.de)  |   |                                |                             |                                    |
| <b>Dozentinnen/Dozenten</b><br>Prof. Dr. Markus Kollmann, Prof. Dr. Laura Rose, Dr. , Dr. Mathias Beller   |   |                                |                             |                                    |
| <b>Modulorganisation</b><br>Prof. Dr. Markus Kollmann (markus.kollmann@uni-duesseldorf.de)   |   |                                |                             |                                    |
| <b>Arbeitsaufwand</b><br>420 h   | <b>Leistungspunkte</b><br>14 CP   | <b>Kontaktzeit</b><br>300 h    | <b>Selbststudium</b><br>120 | <b>Dauer</b><br>1 Semester         |
| <b>Lehrveranstaltungen</b><br>Praktikum: 18 SWS<br>Vorlesung: 2 SWS  |   | <b>Häufigkeit des Angebots</b> |                             | <b>Gruppengröße</b><br>Studierende |
| <b>Lernergebnisse/Kompetenzen</b><br>Die Studierenden können mathematische Analyseverfahren auf biologische Daten anwenden, z.B. Hauptkomponentenanalyse, Bootstrapverfahren, Kreuzvalidierung, und Permutationstests. Die Studierenden kennen die Vor- und Nachteile der verschiedenen Methoden, wissen auf welche Probleme diese anwendbar sind, und können die Methoden in der Programmiersprache MATLAB umsetzen. Die Studierenden kennen die Grundlagen der Wahrscheinlichkeitsrechnung und können diese einsetzen um Nullhypothesen richtig zu generieren. Die Studierenden kennen die zentralen Konzepte der Nichtlinearen Dynamik und können diese auf Genregulation und zelluläre Signaltransduktion anwenden.  |   |                                |                             |                                    |
| <b>Lehrformen</b><br>Vorlesung o. seminaristischer Unterricht mit praktischen Übungen  |   |                                |                             |                                    |
| <b>Inhalte</b><br><b>Teil 1: Statistische Datenanalyse.</b> Dieser Vorlesungsteil behandelt die Grundlagen der deskriptiven Statistik und die wichtigsten statistische Testverfahren. Die Studenten erlernen den Umgang mit Begriffen wie ‚Nullhypothese‘ und ‚Alternative Hypothese‘ und quantitative Beurteilungsmethoden von Testproblemen. Die charakteristischen Werte zur Beurteilung statistischer Signifikanz, z.B. p-Wert und Chi-Quadrat-Wert, werden anschaulich eingeführt. In diesem Zusammenhang werden die möglichen Fehlerquellen in der Berechnung der statistischen Signifikanz behandelt.<br><b>Teil 2: Netzwerk Rekonstruktion.</b> Dieser Vorlesungsteil behandelt Methoden, die es ermöglichen regulatorische zelluläre Netzwerke aus Hochdurchsatzdaten zu rekonstruieren. Eine zentrale Anwendung ist dabei die Rekonstruktion von genregulatorischen Netzwerken aus Transkriptionsdaten. Die verschiedenen Methoden werden am Computer mit realen Datensätzen getestet.<br><b>Teil 3: Biochemische Schalter und Oszillatoren.</b> Dieser Vorlesungsteil behandelt die mathematischen Grundlagen dynamischer Systeme. Wesentlicher Fokus liegt dabei auf bistabilen biochemischen Systemen, welche eine zentrale Rolle in der Entwicklungsbiologie spielen und oszillatorische Systeme, welche die Ursache für zirkadiane Rhythmen sind. |   |                                |                             |                                    |
| <b>Teilnahmevoraussetzungen</b><br><b>Formal:</b> Zulassung zum Masterstudiengang<br><b>Inhaltlich:</b> keine  |   |                                |                             |                                    |

**Prüfungsformen**

- (1) Kompetenzbereich Wissen (70% der Note): schriftliche Prüfung (Regelfall) über die Inhalte der Vorlesung und des Praktikums.
- (2) Anwendung des erworbenen Wissens (30 % der Note): Übungsaufgaben während des Praktikums.

**Voraussetzungen für die Vergabe der Leistungspunkte für dieses Modul**

- (1) Bestehen des Kompetenzbereichs Wissen.
- (2) Regelmäßige und aktive Teilnahme an den Übungen.
- (3) Mindestens 50% der Punkte aus den Übungsaufgaben für jeden Teil des Moduls.

**Zuordnung zum Studiengang**

Master Biologie im Major Bioinformatik/Quantitative Biologie

**Verwendung des Moduls in anderen Studiengängen**

Master Biochemie

**Stellenwert der Note für die Endnote**

Die Note fließt entsprechend der Leistungspunkte (CP) gewichtet in die Gesamtnote ein: M.Sc. Biologie 14/ 72 CP.

**Unterrichtssprache**

Deutsch/Englisch

**Sonstige Informationen**

Anmeldung erfolgt über die zentrale Vergabestelle (PD Dr. Schumann) oder kurzfristig durch Email an [markus.kollmann@uni-duesseldorf.de](mailto:markus.kollmann@uni-duesseldorf.de)