

M4424	Biologische Netzwerke			
	Biological Networks			
Modulverantwortliche/r Prof. Dr. Markus Kollmann (markus.kollmann@uni-duesseldorf.de)				
Dozentinnen/Dozenten Prof. Dr. Markus Kollmann, Prof. Dr. Martin Lercher, Dr.Emidio Capriotti, Dr. Mathias Beller				
Modulorganisation Prof. Dr. Markus Kollmann (markus.kollmann@uni-duesseldorf.de)				
Arbeitsaufwand 420 h	Leistungspunkte 14 CP	Kontaktzeit 300 h	Selbststudium 120	Dauer 1 Semester
Lehrveranstaltungen Praktikum: 18 SWS Vorlesung: 2 SWS		Häufigkeit des Angebots Sommersemester		Gruppengröße 24 Studierende
Lernergebnisse/Kompetenzen				
<p>Teil 1: Statistische Datenanalyse und Einführung in R. Die Studierenden können gängige Methoden der Statistik beschreiben, in der Programmiersprache R implementieren und auf verschiedene biologische Fragestellungen anwenden. Die Studierenden können beurteilen, welche dieser Methoden bei der Analyse biologischer Daten Anwendung finden und Probleme bei der Handhabung großer Datenmengen auswerten und analysieren.</p> <p>Teil 2: Mathematische Modellierung metabolischer Netzwerke. Die Studierenden können komplexe metabolische Netzwerke mittels der Software R beschreiben und analysieren. Sie können Verfahren der linearen Algebra und linearen Optimierung erläutern und auf Fragestellungen in Bezug auf biologische Netzwerke übertragen (Flux-Balance-Analyse).</p> <p>Teil 3: Mathematische Modellierung der Genregulation und Signaltransduktion. Die Studierenden können gewöhnliche Differentialgleichungen mit Hilfe der Software R lösen und darstellen. Sie sind in der Lage allgemeine Mechanismen der Genregulation und der Signaltransduktion in gewöhnliche Differentialgleichungen zu übersetzen und die Ergebnisse zu interpretieren. Sie verstehen grundlegende quantitative Begriffe zellulärer Regulation und deren mathematische Darstellungsformen.</p>				
Lehrformen Vorlesung o. seminaristischer Unterricht mit praktischen Übungen				
Inhalte				
<i>Vorlesung</i>				
<p>Teil 1: Statistische Datenanalyse. Die Vorlesung 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.</p> <p>Teil 2: Mathematische Modellierung metabolischer Netzwerke. Die Vorlesung gibt eine Einführung in die lineare Algebra mit Hilfe derer stöchiometrische Matrizen, topologische Eigenschaften metabolischer Netzwerke, Fundamentalmatrizen und deren biologische Bedeutung behandelt werden. Desweiteren werden die Eigenschaften von Lösungsräumen, das Finden und Beschreiben funktioneller Zustände metabolischer Netzwerke und ihrer biologischen Parameter diskutiert.</p>				

<p>Teil 3: Mathematische Modellierung der Genregulation und Signaltransduktion. Die Vorlesung beginnt mit einer Einführung in gewöhnliche Differentialgleichungen. Dabei werden analytische und numerische Lösungsansätze diskutiert. Die Anwendung von Differentialgleichungen zur Beschreibung zellulärer Regulation führt zur Einführung allgemeiner regulativer Mechanismen wie z.B. ‚Feedback Regulation‘, ‚Feedforward Regulation‘, ‚Sigmoidales Antwortverhalten und Bistabilität. Zentrale Modellsysteme zellulärer Regulation, wie z.B., Katabolitrepression, Zwei-Komponenten-Systeme, Phosphorelay- Systeme, werden explizit behandelt.</p> <p><i>Praktika</i> Die Vorlesungen der verschiedenen Teile werden durch Praktika am Computer begleitet. Hier werden grundlegende Programmierkenntnisse vermittelt, insbesondere der Umgang mit der mathematischen Software R. Die mathematischen Methoden zur Beschreibung biologischer Netzwerke aus den Vorlesungen sollen in den Praktika selbstständig von den Studenten an ausgesuchten Problemen umgesetzt werden. Dies beinhaltet die numerische Aufbereitung großer experimenteller Datensätze sowie deren effektiver numerischer Analyse. Im Besonderen wird den Studenten eine sinnvolle Darstellung der numerisch gewonnenen Erkenntnisse vermittelt.</p>
<p>Teilnahmevoraussetzungen Formal: Zulassung zum Masterstudiengang Inhaltlich: keine</p>
<p>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.</p>
<p>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.</p>
<p>Zuordnung zum Studiengang/Schwerpunkt (Major- nur im Masterstudiengang) Master Biologie im Major Bioinformatik/Quantitative Biologie</p>
<p>Verwendung des Moduls in anderen Studiengängen Master Biochemie</p>
<p>Stellenwert der Note für die Endnote Die Note fließt entsprechend der Leistungspunkte (CP) gewichtet in die Gesamtnote ein: M.Sc. Biologie 14/ 72 CP.</p>
<p>Unterrichtssprache Deutsch</p>
<p>Sonstige Informationen Anmeldung für das Praktikum erfolgt über die zentrale Vergabestelle (PD Dr. Schumann).</p>