



Masterstudium Bioinformatik

Informationsveranstaltung
Donnerstag, 24.5.2018, 16-17 Uhr
JKU, Raum S3 318
(Informatikgebäude/SP3)



Studierende haben seit WS 2006/07 die Möglichkeit an der JKU Linz den 4-semesterigen Masterstudiengang „Bioinformatik“ zu inskribieren. Die JKU Linz ist damit die erste Universität in Österreich, die ein derartiges Masterstudium anbietet. Dieser Masterstudiengang erlaubt es AbsolventInnen eines Bachelor-, Master- oder Diplomstudiums aus Informatik, Biologie, Physik, Chemie, Statistik, Mathematik, Mechatronik, Medizintechnik, Molekulare Biologie, Biologische Chemie, Lehramt Mathematik, Wirtschaftsinformatik oder verwandter Fachrichtungen, mit einem Master in „Bioinformatik“ abzuschließen.

Die Bioinformatik ist eine noch relativ junge, interdisziplinäre Wissenschaft und bildet eine Schnittstelle zwischen Biotechnologie und Informatik. Die Bioinformatik war die Schlüsseltechnologie bei einem der eindrucksvollsten wissenschaftlichen Fortschritte der Menschheit, der Entschlüsselung des menschlichen Genoms. Trotz dieses Quantensprungs, der erst durch die Bioinformatik möglich gemacht wurde, steht die Wissenschaft in diesem Bereich erst am Anfang. Die Euphorie nach der Genomentzifferung wich einer Ernüchterung, da der entzifferte Code weder Struktur noch Funktionsweise der durch die Gene codierten Proteine erkennen lässt. Darüber hinaus ist der Code nicht eindeutig, da die ca. 30.000 Gene des Menschen etwa 300.000 Proteine codieren, d.h. der genetische Code wird je nach Zustand der Zelle unterschiedlich interpretiert. Unverstanden ist größtenteils, welche Gene wann und wie aktiviert werden, damit die Zelle die Bausteine des Lebens, die Proteine, anfertigen kann. Die Proteinproduktion ist des Weiteren durch unterschiedliche Regelkreisläufe gesteuert, wodurch bei einem aktivierten Gen verschiedene Mengen an Proteinen erzeugt werden. Diese Komplexität bei der Herstellung der Proteine, festigt die Stellung der Bioinformatik in den Life Sciences, da die Daten aus der Genomsequenzierung erst mit Hilfe der Informatik verstanden werden können. Biologische und medizinische Daten werden durch Methoden und Techniken der Bioinformatik verwaltet, analysiert, interpretiert, miteinander verglichen und simuliert. Ein Fernziel der Bioinformatik ist es, alle molekularbiologischen Experimente durch Simulationen und Vorhersagen am Computer zu ersetzen, was eine enorme Kosteneinsparung und eine rasante Steigerungsrate bei der Entwicklung neuer Nanotechniken und neuer Medikamente zur Folge hätte.

In der *Medizin* steht die Bioinformatik an vorderster Forschungsfront bei der Diagnose, sowie der Entwicklung neuer Heilverfahren und Medikamente, z.B. gegen Krankheiten wie Krebs, Alzheimer oder Parkinson, deren molekularbiologische Ursachen erst langsam erkannt und verstanden werden. Die Diagnose von Krebs und die entsprechende Therapieauswahl kann durch bioinformatische Methoden, z.B. durch die Analyse von Microarraydaten, unterstützt werden. Das Gleiche gilt für Leukämie. Bestimmte Leukämiearten konnten beispielsweise auf die Verschiebung eines Stücks eines menschlichen Chromosoms zurückgeführt und dadurch besser behandelt werden.

Auch in der *Biologie* ist die Bioinformatik ein wichtiges Hilfsmittel. Durch bioinformatische DNA-Vergleiche (sog. Alignments und phylogenetische Bäume) wurden biologische Stammbäume verifiziert und in manchen Fällen korrigiert. So stellte sich erst durch die Bioinformatik heraus, dass der Mensch zum Schimpansen näher verwandt ist, als der Schimpanse zum Orang-Utan – der Mensch und der Schimpanse besitzen einen gemeinsamen Vorfahren der nicht Vorfahre vom Orang-Utan ist. Auch die Frage "stammt der Mensch vom Neandertaler ab?" wurde mit Hilfe der Bioinformatik verneint. DNA-Vergleiche ergaben, dass sich der Mensch in Afrika entwickelte und eine andere Spezies, den Neandertaler,

verdrängte. Doch auch andere Fragen wurden mit der gleichen Technik beantwortet. War Anna Anderson die russische Prinzessin Anastasia Romanov? Die Bioinformatik konnte diese Frage mit "Nein" beantworten. Ein Genvergleich von Anna Anderson mit ausgegrabenen Überresten der erschossenen Romanovs zeigte, dass Anna Anderson keine Romanov war.

Berufsbilder und –aussichten für BioinformatikerInnen

Für BioinformatikerInnen ergeben sich verschiedene Berufsbilder, wobei diese durch die Interdisziplinarität ihres Fachs das Bindeglied zwischen Life Science- und IT-Experten darstellen. Adäquate Stellen finden sich einerseits in Unternehmen die sich mit Pharma-, Chemie-, Lebensmittel- oder Biotechnologie beschäftigen, andererseits aber auch in Softwarefirmen, die Software für Biologen, Biophysiker oder Biochemiker entwickeln. Die Aufgabenfelder sind für BioinformatikerInnen sehr vielfältig, so können ihre Expertisen im Bereich biologischer Datenbanken, der molekularbiologischen Simulation, des maschinellen Lernens bzw. der Mustererkennung oder der Algorithmik angesiedelt sein.

Ausgebildete BioinformatikerInnen werden dringend von Pharma- und Biotechfirmen gesucht. Für BioinformatikerInnen wird auch eine stark steigende Nachfrage in der Regenerationsbiologie, um z.B. Organ- oder Gewebeschäden zu reparieren, prognostiziert.

Überblick über den Aufbau des Studiums:

1. Semester		2. Semester		3. Semester		4. Semester	
Subject/Module	ECTS	Subject/Module	ECTS	Subject/Module	ECTS	Subject/Module	ECTS
Complementary Subject	21	Complementary Subject	9	Seminar Bioinformatics	3	Master's Seminar/ Master's Examination	5
Bioinformatics and Machine Learning	7,5	Bioinformatics and Machine Learning	10,5	Project Bioinformatics	9	Soft Skills and Ethics	3
Free Electives	1,5	Area of Specialisation	6	Bioinformatics and Machine Learning	3	Master's Thesis	22
		Free Electives	4,5	Area of Specialisation	9		
				Free Electives	6		
	30		30		30		30
						Total	120

Nähere Informationen:

<http://www.bioinf.jku.at/>

<http://www.master-bioinformatik.at/>

<http://www.studium-bioinformatik.at/>