



Universität Hamburg
DER FORSCHUNG | DER LEHRE | DER BILDUNG

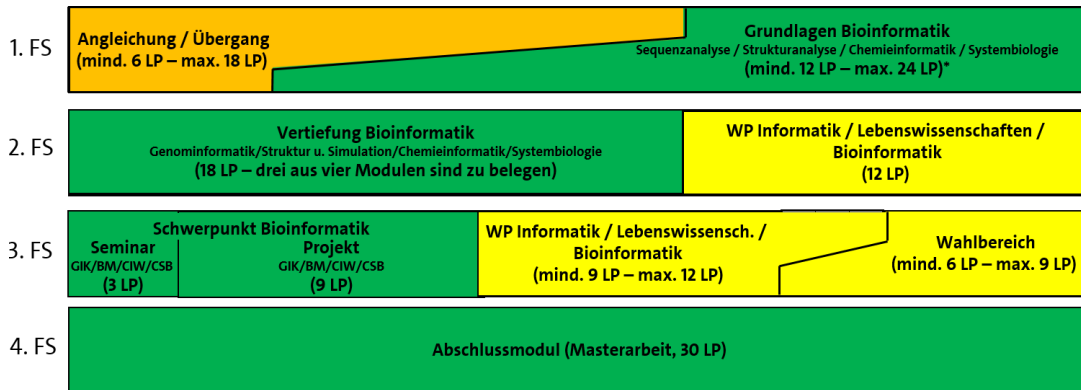
ZBH

ZENTRUM FÜR BIOINFORMATIK

Hamburg, October 18, 2025

Unsere Erfahrungsberichte zum BioInf-Studium & Zeit für Eure Fragen

- Materialsammlung:
 - <https://mafiasi.de/gprot/>
 - <https://cloud.mafiasi.de/apps/files/files/18800065?dir=/Bio%20Inf%20Cloud>
- Aufgezeichnete Vorlesungen, SSH-Einrichtung:
 - <https://lecture2go.uni-hamburg.de/>
 - <https://www.zbh.uni-hamburg.de/studium/vortraege/aufzeichnungen.html>
 - Rubrik Service: SSH-Einrichtung
 - ZBH Wiki: <https://wiki.zbh.uni-hamburg.de/>
- Nutzt die Möglichkeit zur Gruppenarbeit!
- Klausuren: 2 Termine pro Semester - im WS: Februar & März, kein Termin im Sommer
- Klausurtermine + An-/Abmeldungsfristen:
 - <https://www.inf.uni-hamburg.de/studies/orga/dates/2025-wise-written-exams.html>
- Studentische Beteiligung: Evaluation, Round-Table, Qualitätszirkel



Inhalte

- Umgang mit Linux
- **Systematische** Einführung in Python mittels naturwissenschaftlicher Fragestellungen
- Arbeit mit `numpy` und `matplotlib`

Inhalte

- Umgang mit Linux
- **Systematische** Einführung in Python mittels naturwissenschaftlicher Fragestellungen
- Arbeit mit `numpy` und `matplotlib`

Kommentare:

- Zunächst vieles bekannt und einfach, dann viele neue Inhalte
- Folien selbsterklärend
- Übungen aufwendig, aber hier lernt man "wie man programmiert"
- Make files helfen bei der Bearbeitung
- Ausgabe eines Fragenkatalogs am Ende der VL
- Ausgabe von zusätzlichen Selbsttests (hilfreich!)



Inhalte

- Einführung in Algorithmen, Laufzeitanalyse
- Sortieren, Suchen, Graphalgorithmen
- Weitere Entwurfsmethoden, Schwere Probleme

Inhalte

- Einführung in Algorithmen, Laufzeitanalyse
- Sortieren, Suchen, Graphalgorithmen
- Weitere Entwurfsmethoden, Schwere Probleme

Kommentare:

- Begleitende Tutorien zur Übung? Hilfsmittel Klausur?
- 7 Übungstermine, zwei-wöchiger Turnus?
- Nachlesen im Cormen hilfreich
- Übungsblätter aufwendig - hilft aber beim Entwurf von Algorithmen
- Beweisführung und mathematische Notation wichtig
- Am wichtigsten: Unvoreingenommen in die Klausur gehen!



Inhalte

- Modell der Edit-Distanz für die biologische Sequenzanalyse, Alignments
- Alignmentfreie Sequenzvergleiche
- Multiple Sequenzalignments

Inhalte

- Modell der Edit-Distanz für die biologische Sequenzanalyse, Alignments
- Alignmentfreie Sequenzvergleiche
- Multiple Sequenzalignments

Kommentare:

- viele Definitionen, Formeln, Beweise
- betont mathematisch-informatisch, statt biologisch
- Oft Brücken zu **AD** und **PFN1**
- Übungen ab Woche 4 / 5 als Python-Implementierungen
- Folien selbsterklärend
- Make files helfen bei der Bearbeitung
- Ausgabe des Fragenkatalogs am Ende der VL



Inhalte

- Molecular biology, algorithms
- Biostatistics, Genomics, Epigenetics, Transcriptomics
- Sequence motif prediction & de novo discovery, Markov models, HMM, Machine learning

Inhalte

- Molecular biology, algorithms
- Biostatistics, Genomics, Epigenetics, Transcriptomics
- Sequence motif prediction & de novo discovery, Markov models, HMM, Machine learning

Kommentare:

- Viele Themen, ein Thema pro VL
- Übungen gut zu bewältigen (3-5 Personen pro Gruppe)
- weniger mathematisch-informatisch, stärker biologisch, anwendungsbezogen, Beispiele aus der Forschung
- Im Vorjahr: Präsentation in Kleingruppen zu ausgewähltem Thema / Publikation



Inhalte

- Datenbanken, Moleküldarstellung und -repräsentation, Mustersprachen
- Algorithmen d. Chemieinformatik (Substruktursuche)
- Molekulare Ähnlichkeit

Inhalte

- Datenbanken, Moleküldarstellung und -repräsentation, Mustersprachen
- Algorithmen d. Chemieinformatik (Substruktursuche)
- Molekulare Ähnlichkeit

Kommentare:

- Auch Datenbanken sind Teil der Klausur
- Viele Bezüge zu **AD** (Graphalgorithmen)
- Wöchentliche Übungen, Gruppe aus max. 3 Personen
- GCI ist betont algorithmisch, CIW (im Sommer) mit Fokus Computer-Aided Drug Design
- C++ Übergangskurs mit kurzem Test Anfang März?



Inhalte

- Untersuchung von Protein-Strukturen - vom Experiment zu 3D-Koordinaten
- Modellierung von Protein-Strukturen
- Ähnlichkeit von 3D-Strukturen

Inhalte

- Untersuchung von Protein-Strukturen - vom Experiment zu 3D-Koordinaten
- Modellierung von Protein-Strukturen
- Ähnlichkeit von 3D-Strukturen

Kommentare:

- Vorlesungsfolien knapper gehalten, eigene Notizen wichtig
- Übung: viele kleine Anwendungsaufgaben
- Revision- und Testfragen im Moodle-Kurs
- Workload gut zu bewältigen