CUMIN

Modul II

Universität Bielefeld

05. bis 09. Oktober 2026

Programmheft

Inhaltsverzeichnis

Stundenplan **3**
Referentinnen und Referenten **4**
Prof. Dr.-Ing. Robert Heyer 4
Jun.-Prof. Dr. Daniel Dörr 5
Prof. Dr. Kai Stühler 6
Prof. Dr. Alexander Schönhuth 7
Dr. Mete Akgün 8
Praxispartner im Ausbildungsforum **9**
CUMIN-Ausbildungsforum **10**
Die CUMIN-Gruppe **11**
Projektteam und Ansprechpersonen **12**
Anfahrt und Anreise **13**
Hörsaal X-Gebäude (Raum X-E0-002) 13
CITEC-Gebäude (Großer Hörsaal, Raum 0.007) 14

Stundenplan

Uhrzeit	Montag	Dienstag	Mittwoch	Donnerstag	Freitag
9:00 – 10:30	**Einführende Vorlesung Omics I** *Prof. Dr. Robert Heyer; Raum X-E0-002*	**Einführende Vorlesung Omics III** *Prof. Dr. Robert Heyer; Raum X-E0-002*		**Einführende Vorlesung Privacy Issues** *Dr. Akgün; CITEC, Raum 0.007*	**ISAS Dortmund** *Abfahrt am CITEC*
10:30 – 12:00	**Fortgeschrittene Vorlesung Omics II** *Prof. Dr. Robert Heyer; Raum X-E0-002*	**GWAS-Tutorium** *Prof. Dr. Dörr; Raum X-E0-002*	**Proteomics: A Versatile Tool for Biomarker Discovery** *Prof. Dr. Kai Stühler; CITEC, Raum 0.007*	**Fortgeschrittene Vorlesung Generatives Modell + Differential Privacy** *Prof. Dr. Alexander Schönhuth; CITEC, Raum 0.007*	**ISAS Dortmund**
12:00 – 14:00	**Mittagessen Mensa**	**Mittagessen Mensa**	**Mittagessen Mensa**	**Mittagessen Mensa**	**ISAS Dortmund**
14:00 – 16:00	**Group Work on Exercises on Omics**	**Genome Wide Association Studies**	**Fortgeschrittene Vorlesung ML-based GWAS / ML for Phänotyp-Genotyp-Assoziation** *Prof. Dr. Alexander Schönhuth; CITEC, Raum 0.007*	**Group Work on Privacy** *CITEC, Raum 0.007*	**ISAS Dortmund**
16:00 – 18:00	**Presentation of Group Work** *10–15 Minuten pro Gruppe; Raum X-E0-002*	**Presentation of Group Work** *10–15 Minuten pro Gruppe; Raum X-E0-002*	**Ausbildungsforum** *CITEC, Raum 0.007*	**Presentation of Group Work** *10–15 Minuten pro Gruppe; CITEC, Raum 0.007*	**Rückfahrt vom ISAS Dortmund**
18:00 – 19:00	**Abendessen**	**Abendessen**	**Abendessen**	**Abendessen**	**Abendessen**

Referentinnen und Referenten

Prof. Dr.-Ing. Robert Heyer

Seine Forschung verbindet Bioinformatik, Systemmedizin und die datenbasierte Analyse von Omics-Daten mit medizinischen Fragestellungen. Prof. Dr.-Ing. Robert Heyer leitet am Leibniz-Institut für Analytische Wissenschaften in Dortmund die Arbeitsgruppe „Mehrdimensionale Omics-Datenanalyse" und hat im Rahmen der Kooperation mit der Universität Bielefeld eine Professur für Bioinformatik inne. Seine Arbeitsgruppe entwickelt bioinformatische Ansätze zur Analyse, Integration und Visualisierung komplexer Omics-Daten. Ein besonderer Schwerpunkt liegt auf der Verknüpfung molekularer Daten mit klinischen Informationen und mathematischen Modellen, um biologische und krankheitsbezogene Prozesse besser zu verstehen und perspektivisch diagnostische oder therapeutische Entscheidungen zu unterstützen.

https://ekvv.uni-bielefeld.de/pers_publ/publ/PersonDetail.jsp?personId=356757262

Vorlesungsinhalt: Omics I, Omics II und Omics III

Termin: Montag, 05. Oktober 2026, 09:00–10:30 Uhr (Omics I) · Montag, 05. Oktober 2026, 10:30–12:00 Uhr (Omics II) · Dienstag, 06. Oktober 2026, 09:00–10:30 Uhr (Omics III)

Die dreiteilige Vorlesungsreihe vermittelt einen Zugang zu Omics-Daten und ihrer Bedeutung für systemmedizinische Fragestellungen. Unterschiedliche molekulare Datenebenen wie Genomik, Proteomik oder Metabolomik ermöglichen es, biologische Prozesse umfassender zu erfassen und Zusammenhänge zwischen molekularen Veränderungen und Krankheitsprozessen zu untersuchen, wobei die Vorlesungsreihe zugleich einen Einblick in die bioinformatische Analyse und Integration komplexer Omics-Daten sowie deren Verknüpfung mit klinischen Informationen und mathematischen Modellen bietet.

Jun.-Prof. Dr. Daniel Dörr

Seine Forschung verbindet Bioinformatik, Genomik und Diabetologie. Als Juniorprofessor an der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf und Leiter der Paul-Langerhans-Gruppe Computational Diabetology am Deutschen Diabetes-Zentrum entwickelt er bioinformatische Methoden zur Analyse umfangreicher und heterogener molekularer Datensätze sowie zur Integration von Multiomics- und klinischen Daten. Mit pangenombasierten Ansätzen untersucht seine Arbeitsgruppe krankheitsbezogene genetische Variationen, insbesondere in komplexen, für Diabetes relevanten Genomregionen, wobei weitere Schwerpunkte auf der Analyse struktureller genomischer Variationen und der Modellierung epigenetischer Genregulation liegen.

https://marschall-lab.github.io/people/ddoerr/

Vorlesungsinhalt: GWAS-Tutorium

Termin: Dienstag, 06. Oktober 2026, 10:30–12:00 Uhr

Der Themenblock GWAS-Tutorium führt in die methodischen Grundlagen genomweiter Assoziationsstudien ein, wobei im Mittelpunkt das Grundprinzip steht, genetische Varianten über große Datensätze hinweg auf statistische Zusammenhänge mit Merkmalen oder Erkrankungen zu untersuchen. Damit knüpft die Einheit an die in Modul II behandelten Genotyp-Phänotyp-Zusammenhänge und algorithmischen Ansätze der Systemmedizin an, sodass die Forschung von Jun.-Prof. Dr. Daniel Dörr zu pangenombasierten Ansätzen und krankheitsbezogenen genetischen Variationen hierfür einen unmittelbaren fachlichen Bezug bietet. Das Tutorium schafft zugleich die Grundlage für die anschließende Gruppenarbeit zu GWAS.

Prof. Dr. Kai Stühler

Seine Forschung verbindet Proteomik mit translationaler biomedizinischer Forschung. Am Biologisch-Medizinischen Forschungszentrum der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf leitet er das Molecular Proteomics Laboratory. Seine Arbeitsgruppe untersucht Proteine insbesondere mithilfe massenspektrometrischer Verfahren und entwickelt Ansätze zur Identifizierung und Validierung von Biomarkern, während weitere Forschungsarbeiten sich mit Veränderungen des Sekretoms bei Tumorerkrankungen, molekularen Alterungsprozessen und Mechanismen der Neuroregeneration befassen.

https://www.neurosciences-duesseldorf.de/principal-investigators-and-junior-researchers/kai-stuehler

Vorlesungsinhalt: A Versatile Tool for Biomarker Discovery

Termin: Mittwoch, 07. Oktober 2026, 10:30–12:00 Uhr

Omics-Daten eröffnen die Möglichkeit, molekulare Veränderungen umfassend zu erfassen und mit biologischen beziehungsweise klinischen Fragestellungen zu verbinden, wobei im Mittelpunkt der Einheit translationale Perspektiven stehen und damit die Frage, wie Erkenntnisse aus der Analyse molekularer Daten in medizinisch relevante Anwendungen überführt werden können. Anknüpfend an die Forschung von Prof. Dr. Kai Stühler bietet insbesondere die Proteomik einen anschaulichen Zugang, etwa bei der Identifizierung und Validierung potenzieller Biomarker, sodass die Vorlesung einen Überblick über modernste Methoden der Proteomik gibt und eine Brücke zwischen biomedizinischer Grundlagenforschung und ihrer Anwendung in der klinischen Forschung schlägt.

Prof. Dr. Alexander Schönhuth

Genome Data Science und Computational Pangenomics bilden den Kern seiner Forschung. Als Leiter der Arbeitsgruppe Genome Data Science an der Universität Bielefeld entwickelt Prof. Dr. Alexander Schönhuth gemeinsam mit seinem Team graphbasierte Verfahren, um sehr große genomische Datenmengen effizient zu speichern, zu analysieren und zu interpretieren. Darüber hinaus erforscht die Arbeitsgruppe moderne Deep-Learning-Verfahren für die Analyse genomischer Daten und untersucht damit unter anderem genetische Grundlagen komplexer Erkrankungen, während weitere Arbeiten sich mit der Rekonstruktion von Genomen aus gemischten Proben, beispielsweise von Viruspopulationen, befassen.

https://www.cebitec.uni-bielefeld.de/research-groups/623-genome-data-science

Vorlesungsinhalt: ML-based GWAS / Machine Learning für Phänotyp-Genotyp-Assoziationen

Termin: Mittwoch, 07. Oktober 2026, 14:00–16:00 Uhr

Der Themenblock widmet sich der Frage, wie Methoden des maschinellen Lernens genutzt werden können, um Zusammenhänge zwischen genetischen Varianten und beobachtbaren Merkmalen zu untersuchen, wobei anknüpfend an die Forschung von Prof. Dr. Alexander Schönhuth die algorithmische Analyse umfangreicher genomischer Datensätze im Mittelpunkt steht. Die Einheit verbindet damit klassische Fragestellungen genomweiter Assoziationsanalysen mit modernen datengetriebenen Verfahren und führt die zuvor behandelten GWAS-Inhalte aus einer weiterführenden algorithmischen Perspektive fort.

Vorlesungsinhalt: Generative Modelle und Differential Privacy

Termin: Donnerstag, 08. Oktober 2026, 10:30–12:00 Uhr

Der Themenblock verbindet moderne generative Verfahren mit Fragen des Datenschutzes bei der Analyse sensibler genomischer Daten, da generative Modelle es ermöglichen, Strukturen und Verteilungen komplexer Datensätze algorithmisch abzubilden und daraus beispielsweise neue beziehungsweise synthetische Datenrepräsentationen zu erzeugen. Differential Privacy bietet einen methodischen Ansatz, um statistische Auswertungen zu ermöglichen und zugleich das Risiko zu begrenzen, Rückschlüsse auf einzelne Personen zu ziehen, sodass anknüpfend an die Forschung von Prof. Dr. Alexander Schönhuth aktuelle Entwicklungen an der Schnittstelle von künstlicher Intelligenz, Genomdaten und Datenschutz eingeordnet werden können.

Dr. Mete Akgün

Seine Arbeit greift eine zentrale Herausforderung digitaler Medizin auf, indem sie Wege untersucht, sensible Gesundheitsdaten für die Forschung nutzbar zu machen, ohne Rohdaten offenzulegen. Am Fachbereich Informatik der Universität Tübingen leitet er die Nachwuchsforschungsgruppe „Medical Data Privacy and Privacy Preserving Machine Learning on Healthcare Data" und ist Projektleiter im MIRACUM-Konsortium der Medizininformatik-Initiative. Seine Arbeit umfasst datenschutzwahrende Verfahren des maschinellen Lernens, kryptografisch abgesicherte genomweite Assoziationsstudien sowie Konzepte wie den Personal Health Train, bei dem Analysealgorithmen zu den Daten gebracht werden statt umgekehrt.

https://mdppml.github.io/

Vorlesungsinhalt: Privacy Issues

Termin: Donnerstag, 08. Oktober 2026, 09:00–10:30 Uhr

Der Themenblock Privacy Issues widmet sich der Frage, wie sensible Gesundheits- und Forschungsdaten für datenbasierte Analysen genutzt werden können, ohne den Schutz personenbezogener Informationen aus dem Blick zu verlieren, wobei anknüpfend an die Forschung von Dr. Mete Akgün insbesondere datenschutzwahrende Verfahren des maschinellen Lernens, föderiertes Lernen und verteilte Analysen im Mittelpunkt stehen. Solche Verfahren ermöglichen es, Daten über verschiedene Einrichtungen hinweg gemeinsam auszuwerten, ohne dass sensible Rohdaten ihren jeweiligen Standort verlassen müssen, wozu Beispiele aus seinem Forschungsumfeld kryptografisch abgesicherte genomweite Assoziationsstudien sowie den Personal Health Train zählen, bei dem Analyseverfahren zu den Daten gebracht werden, anstatt die Daten zentral zusammenzuführen.

Praxispartner im Ausbildungsforum

Das Ausbildungsforum verbindet die fachlichen Inhalte von CUMIN mit konkreten Arbeitsfeldern der digitalen Medizin und Versorgungsforschung. Zwei Praxispartner geben kurze Einblicke in ihre Arbeit und stehen anschließend für den Austausch mit der Gruppe zur Verfügung.

VANDAGE GmbH

VANDAGE ist ein Bielefelder Unternehmen an der Schnittstelle von Public Health, Gesundheitsökonomie und Data Science. Das Team arbeitet unter anderem mit GKV-Routinedaten sowie weiteren Primär- und Sekundärdatenquellen und entwickelt Real-World-Evidence, Versorgungsanalysen und gesundheitsökonomische Evaluationen.

Im Ausbildungsforum
Einblick in datenbasierte Versorgungsforschung, Gesundheitsökonomie und Tätigkeitsfelder zwischen Wissenschaft, Analyse und Versorgung.

www.vandage.de

Digitale Gesundheitsplattform OWL GmbH

Die Digitale Gesundheitsplattform OWL vernetzt Krankenhäuser und ambulante Praxen in der Region Paderborn und unterstützt den einrichtungsübergreifenden Austausch von Gesundheitsinformationen. Dazu gehören beispielsweise Dokumente, Bilddaten und Medikationsinformationen, auf die berechtigte Behandler digital zugreifen können.

Im Ausbildungsforum
Einblick in digitale Versorgungsstrukturen, Interoperabilität und den sektorenübergreifenden Austausch von Gesundheitsinformationen sowie in Tätigkeitsfelder zwischen Technik, Versorgung und Implementierung.

www.dgpowl.de

CUMIN-Ausbildungsforum - Wissenschaft trifft Praxis

Mittwoch, 07. Oktober 2026 · 16:00–18:00 Uhr · CITEC · Großer Hörsaal 0.007

Das Ausbildungsforum soll bewusst keine Abfolge längerer Unternehmensvorträge sein. Kurze Praxisimpulse eröffnen unterschiedliche Arbeitsfelder; anschließend stehen Fragen, gemeinsames Weiterdenken und der persönliche Austausch im Mittelpunkt.

Praxisimpulse	**Fragestellungen**	**Austausch**	**Reflexion**

Dr. Marina Böddeker

Dr. Marina Böddeker ist an der Universität Bielefeld im Bereich Kompetenzerwerb, Profilbildung und Berufsorientierung tätig. Im Ausbildungsforum unterstützt sie die Teilnehmenden dabei, die Praxisimpulse mit den eigenen Interessen und Kompetenzen zu verbinden und mögliche fachliche oder berufliche Anschlussmöglichkeiten zu reflektieren.

Was soll aus dem Forum mitgenommen werden?

- Einblicke in unterschiedliche Praxisfelder der digitalen Medizin
- Anknüpfungspunkte zwischen fachlichen Interessen und beruflichen Möglichkeiten
- Kontakte zu Praxispartnern und Raum für weiterführende Gespräche
- Impulse für mögliche Abschlussarbeiten, Promotionen, Praktika oder Kooperationen

Die CUMIN-Gruppe

CUMIN lebt von unterschiedlichen fachlichen Perspektiven. Die Gruppe verbindet MINT-Fächer mit angrenzenden gesundheits- und medizinbezogenen Disziplinen und bringt Erfahrungen aus verschiedenen Hochschulkontexten in Deutschland zusammen.

Hochschulkontexte (u. a.)

- Universität Tübingen
- Universität Bielefeld
- Hasso-Plattner-Institut / Potsdam
- Charité / Berlin Institute of Health
- Humboldt-Universität zu Berlin
- Universität Rostock
- Universität Bonn
- Universität Würzburg
- Universität der Bundeswehr München

Fachliche Perspektiven (u. a.)

- Informatik / Computer Science
- Bioinformatik & Medical Informatics
- Data Science & Mathematik
- Machine Learning / Health Data Science
- Digital Health
- Medizintechnik & BioMechatronik
- Information Science
- Medizinische Strahlenwissenschaften
- Public Health
- Digital Business Systems

Interdisziplinarität als Arbeitsprinzip

Die unterschiedlichen fachlichen Hintergründe sind kein Nebeneinander, sondern Teil des CUMIN-Konzepts. Fragestellungen der digitalen Medizin werden gemeinsam aus technologischer, datenwissenschaftlicher, biologischer und gesundheitswissenschaftlicher Perspektive betrachtet.

Projektteam und Ansprechpersonen

Während der Modulwoche stehen Ihnen die Projektleitung und die CUMIN-Koordination für organisatorische und inhaltliche Fragen gerne zur Verfügung.

Projektleitung

Prof. Dr. Philipp Cimiano
Projektleitung CUMIN

Prof. Dr. rer. nat. Annika Hoyer
Projektleitung CUMIN

Koordination CUMIN

Andrea Dietrich

eHealth-Referentin CUMIN

Universität Bielefeld
andrea.dietrich@uni-bielefeld.de

Anfahrt und Anreise

Die Lehrveranstaltungen von Modul II finden an zwei Standorten der Universität Bielefeld statt. Genutzt werden der Hörsaal des X-Gebäudes (Raum X-E0-002) sowie der Große Hörsaal des CITEC-Gebäudes (Raum 0.007).

Hörsaal X-Gebäude (Raum X-E0-002)

Gebäude X, Universitätsstraße 24, 33615 Bielefeld

Mit dem ÖPNV (Stadtbahn)

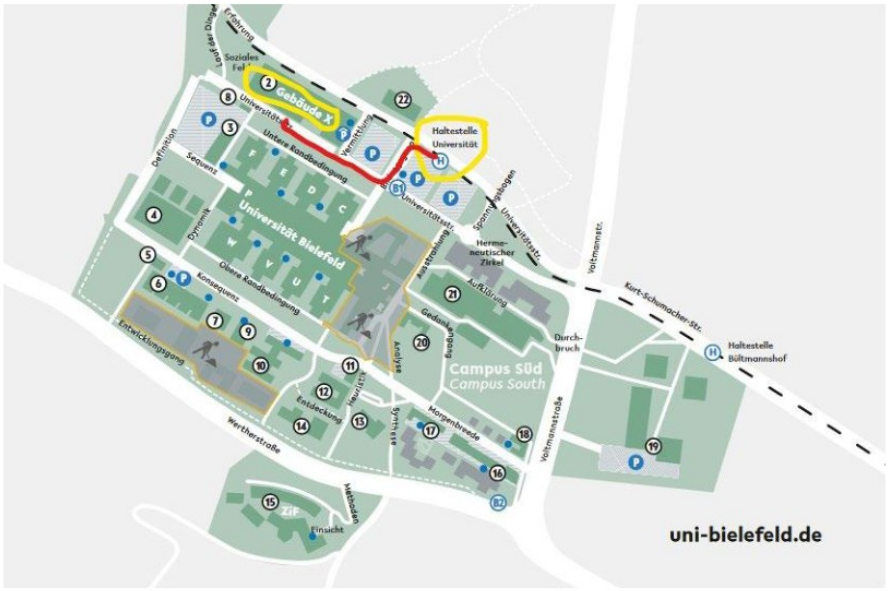
Fahren Sie mit der Stadtbahnlinie 4, Fahrtrichtung „Lohmannshof“, bis zur Haltestelle „Universität“. Verlassen Sie die Bahn in Fahrtrichtung und biegen Sie unterhalb der Rolltreppen links ab. Bei der nächsten Gelegenheit biegen Sie rechts auf die Universitätsstraße ab. Nach etwa 200 Metern befindet sich der Haupteingang des X-Gebäudes auf der rechten Seite.

Mit dem Auto

Neben dem X-Gebäude befindet sich ein Parkhaus der Universität Bielefeld (Universitätsstraße 23, 33615 Bielefeld). Folgen Sie der Universitätsstraße; der Haupteingang des X-Gebäudes befindet sich nach etwa 200 Metern auf der rechten Seite.

Navigation mit UniMaps

UniMaps unterstützt die barrierearme Navigation auf dem Campus der Universität Bielefeld. Weitere Informationen finden Sie unter www.uni-bielefeld.de/einrichtungen/zab/unimaps/



CITEC-Gebäude (Großer Hörsaal, Raum 0.007)

Center for Cognitive Interaction Technology (CITEC), Inspiration 1, 33619 Bielefeld

Da manche Navigationssysteme die Straße „Inspiration“ nicht finden, kann ersatzweise die Adresse „Zehlendorfer Damm 201“ beziehungsweise die Nebenstraße „Assoziation“ als Ziel genutzt werden.

Mit der Straßenbahn

Nutzen Sie die Stadtbahnlinie 4 in Richtung „Lohmannshof“ bis zur Haltestelle „Wellensiek“. Die Fahrzeit ab dem Hauptbahnhof beträgt etwa zwölf Minuten.

Mit dem Auto

Von Norden kommend nutzen Sie die A2 bis zur Ausfahrt Bielefeld-Zentrum und folgen der Beschilderung in Richtung Universität. Von Süden kommend wechseln Sie am Dreieck Bielefeld auf die A33 Richtung Bielefeld-Zentrum und folgen anschließend ebenfalls der Beschilderung Richtung Universität beziehungsweise CITEC.

Parkmöglichkeiten

Vor dem CITEC-Gebäude und der Hochschule Bielefeld gilt absolutes Halteverbot. Nutzen Sie daher die Tiefgarage direkt unterhalb des CITEC-Gebäudes. Die Ausfahrt ist jederzeit möglich.