



Liebe Leserinnen, liebe Leser,

wir freuen uns, Ihnen nach einer längeren, Corona-bedingten Pause eine neue Ausgabe des Forschungsmagazins ‚Blick in die Wissenschaft‘ in der Ausgabe 44/45 präsentieren zu können.

Die Corona-Pandemie hat auch die Universität Regensburg und alle ihre Mitglieder vor große Herausforderungen gestellt. Dennoch konnten zentrale Zukunftsprojekte weitergeführt und umgesetzt werden. So stellt vor allem die Gründung unserer neuen Fakultät für Informatik und Data Science (FIDS) einen wahren Meilenstein in der Geschichte und Entwicklung der Universität Regensburg dar. Als größtes Strukturprojekt seit der Gründung der Fakultät für Medizin vor 30 Jahren ist unsere Informatikfakultät ein Zukunftsprojekt von weitreichenden Dimensionen. Mit der neuen strategischen Schwerpunktsetzung im Bereich Informatik und Data Science und vor allem auch der Querschnittsorientierung der neuen Fakultät sieht sich die Universität Regensburg sehr gut gerüstet, ihre bisherigen Stärken in diesen Bereichen zu bündeln, weiter auszubauen und zu

vertiefen. Schließlich sind *Digital Transformations* als eines der vier Gestaltungsfelder und Zukunftsthemen in unserem *Hochschulentwicklungsplan 2025* fest verankert. Dieses Gestaltungsfeld adressiert die neue Fakultät ebenso wie den Bereich *Integrated Sciences in Life, Health, and Disease* als ein weiteres Schwerpunktgebiet unserer Universität.

Die Grundsatzbeschlüsse in den Gremien der Universität Regensburg im Sommer und Herbst 2019 zur Einrichtung der neuen Fakultät erfolgten nach einer vorhergehenden Phase intensiver Planungen dann letztlich fast zeitgleich mit der Regierungserklärung des Bayerischen Ministerpräsidenten Dr. Markus Söder am 10. Oktober 2019 und der Verkündung der Hightech Agenda Bayern. Unterstützt und beschleunigt durch die Mittel der Hightech Agenda Bayern konnte der Auf- und Ausbau der Fakultät für Informatik und Data Science zügiger umgesetzt werden, nachdem die neue Fakultät im März 2020 formal gegründet und im Laufe des WS 2021/22 aus sich heraus handlungs- und

funktionsfähig wurde. Im Mai 2022 konnten wir gemeinsam mit Ministerpräsident Dr. Markus Söder und Staatsminister für Wissenschaft und Kunst Markus Blume den offiziellen Kickoff für die Fakultät begehen. Dass dieser komplexe Prozess im Kontext der Herausforderungen der Corona-Pandemie vollzogen und abgeschlossen werden konnte, ist ein Zeichen für die Bedeutung dieser gesamtuniversitär-strategischen Maßnahme und für den Rückhalt für das Großprojekt in der universitären Gemeinschaft.

Im Laufe des Gründungsprozesses ist es gelungen, die verschiedenen Informatiknahen und -interessierten Kräfte der Universität an einen Tisch zu bringen und gemeinsam ein zukunftsorientiertes Konzept für die Fakultät zu entwickeln. Ein externes Gutachten mit hochrangiger Expertise skizzierte und evaluierte 2019 wesentliche inhaltliche Schwerpunkte und Strukturierungen für die neue Fakultät, an denen sich in den Jahren 2019-2021 die von Vizepräsident Prof. Dr. Nikolaus Korber geleitete Gründungskommission in der

konkreten Arbeit zum Aufbau der Fakultät orientierte. In insgesamt 15 Berufungsverfahren wurden die ersten neuen Professuren in der Fakultät zügig besetzt – ein Prozess, der in Kürze abgeschlossen sein wird. Im Besetzungsprozess hat sich vor allem auch gezeigt, wie attraktiv die Neugründung einer Fakultät und die Möglichkeiten zur Mitgestaltung und zum Aufbau neuer Strukturen für Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler sind und wie viel Zukunftspotential von unserer neuen Fakultät ausgeht. So konnten wir zum Wintersemester 2023/24 130 Studierende für den B.Sc. Informatik und den B.Sc. Data Science begrüßen.

Im vorliegenden Heft von ‚Blick in die Wissenschaft‘ möchten wir Ihnen nunmehr vor allem die Forschungsaktivitäten der Fakultät für Informatik und Data Science näher vorstellen. Dabei beglückwünsche ich die Fakultät, dass sie bereits eineinhalb Jahre nach ihrer vollständigen Handlungs- und Funktionsfähigkeit und während der weiteren Planungen zum Aufbau und der Ausarbeitung ihrer Studiengänge insbe-

sondere im Master-Bereich ein so vielfältiges Themenheft zu ihren aktuellen Forschungsarbeiten vorlegen konnte.

Das facettenreiche und vielfältige Themenspektrum dieses Sonderhefts illustriert, wie die Fakultät für Informatik und Data Science die an der Universität Regensburg bisher vorhandenen IT-Kompetenzen erfolgreich bündelt und in die Zukunft gerichtet erweitert. Sie ermöglicht die essentielle interdisziplinäre Vernetzung mit der gesamten Universität, von den Geistes- und Sozialwissenschaften bis zu den Natur- und Lebenswissenschaften. Die Beiträge verdeutlichen, wie interdisziplinäre Forschung das Fundament starker methodischer und fachlicher Grundlagen weiterentwickelt und wie die bisherigen Informatik-Schwerpunkte der Universität Regensburg (Computational Science, Informationswissenschaft, Medieninformatik, Wirtschaftsinformatik) erfolgreich in die neue Fakultät überführt werden konnten und die Querschnittsorientierung unterstützen.

Das vorliegende Heft mit seinem Schwerpunkt auf aktuellen Forschungsar-

beiten begleitet den im Wintersemester 2023/24 erfolgten Start der beiden grundständigen Bachelor-Studiengänge Informatik und Data Science. Ein kurzer Überblicksbeitrag zur Lehre in der neuen Fakultät zeigt anschaulich die bereits gewachsene Vielfalt der Informatikstudiengänge und die intensive und gelebte Verbindung von Forschung und Lehre auch an dieser neuen Fakultät.

Unsere neue Fakultät leistet hervorragende Arbeit und ich bin sicher, dass Ihnen die nachfolgenden Seiten einen spannenden Einblick in die verschiedenen Facetten der FIDS geben werden. Ein ganz besonderes Dankeschön möchte ich an dieser Stelle an das gesamte Dekanat der Fakultät für Informatik und Data Science und insbesondere an Forschungsdekanin Prof. in Dr. Meike Klettke richten, die für diese Sonderausgabe die Koordinationsarbeit der vorliegenden Ausgabe federführend übernommen hat.

Prof. Dr. Udo Hebel

Präsident der Universität Regensburg

**Blick in die Wissenschaft
Forschungsmagazin
der Universität Regensburg**

ISSN 0942-928-X

Heft 44/45

31. Jahrgang

Herausgeber

Prof. Dr. Udo Hebel

Präsident der Universität Regensburg

Redaktionsleitung für diese Ausgabe

Prof.in Dr. Meike Klettke / Fakultät für Informatik und Data Science

Redaktionsbeirat

Prof. Dr. jur. Christoph Althammer

Prof. Dr. rer. nat. Ferdinand Evers

Prof. Dr. rer. nat. Stefan Friedl

Prof. Dr. rer. nat. Mark W. Greenlee

Prof. Dr. theol. Andreas Merkt

Prof. Dr. phil. Omar W. Nasim

Prof. Dr. rer. nat. Klaus Richter

Prof. Dr. rer. pol. Daniel Rösch

Prof. Dr. med. Ernst Tamm

Prof. Dr. paed. Oliver Tepner

Prof. Dr. phil. Christiane Heibach

Universität Regensburg

93040 Regensburg

Telefon +49 941 9432300

Telefax +49 941 9433310

Verlag

Universitätsverlag Regensburg GmbH

Leibnizstraße 13, 93055 Regensburg

Telefon +49 941 78785-0

Telefax +49 941 78785-16

info@univerlag-regensburg.de

www.univerlag-regensburg.de

Geschäftsführer: Dr. Albrecht Weiland,

Felix Weiland M.A.

Abonnementsservice

bestellung@univerlag-regensburg.de

Anzeigenleitung

Larissa Nevecny

MME-Marquardt

info@mme-marquardt.de

Herstellung

Universitätsverlag Regensburg GmbH

info@univerlag-regensburg.de

Einzelpreis € 7,00

Doppelheft € 14,00

Jahresabonnement

bei zwei Ausgaben pro Jahr

€ 10,00 / ermäßigt € 9,00

Für Schüler, Studierende und Akademiker/innen im Vorbereitungsdienst (inkl. 7% MwSt.) zzgl. Versandkostenpauschale

€ 1,64 je Ausgabe. Bestellung beim Verlag.

Für **Mitglieder des Vereins der Ehemaligen Studierenden der Universität Regensburg e.V.**, des **Vereins der Freunde der Universität Regensburg e.V.** und des **Vereins ehemaliger Zahnmedizinstudenten Regensburg e.V.** ist der Bezug des Forschungsmagazins im Mitgliedsbeitrag enthalten.



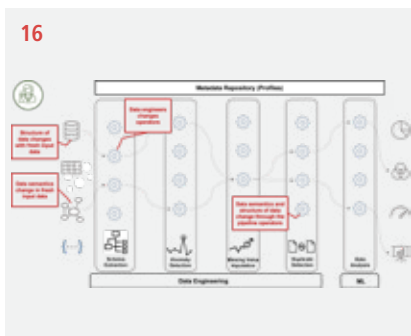
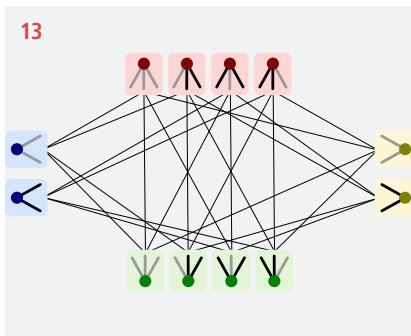
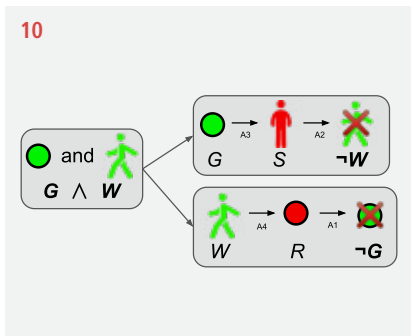
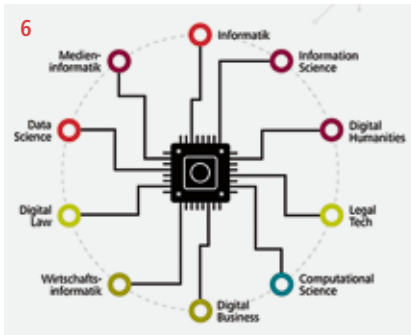
Rohstoffe
Transporte
Produktion

g CO₂e
492
Pro Produkt

CO₂-Emissionen
ausgeglichene

natureOffice.com/DE-742-2B3EMB2

Inhalt



Einleitung 5
Florian Erhard, Bernd Heinrich, Meike Klettke, Christian Wolff

Lehre an der Fakultät für Informatik und Data Science 6
Florian Erhard, Udo Kruschwitz, Bernd Heinrich, Christian Wolff

Automatisches Beweisen: Methoden und Anwendungen 10
Julie Cailler, Philipp Rümmer

Algorithmen und Komplexitätstheorie 13
Radu Curticapean

Evolution in Datenbanken und Data Engineering Workflows 16
Meike Klettke

IoT-basiertes Prozessmanagement – Mobile Benutzerführung in der digitalen Fabrik 19
Stefan Schönig

Cyber Threat Intelligence: Gemeinschaftliche IT-Sicherheit durch den Austausch von Informationen 23
Johannes Grill, Daniel Schlette, Günther Pernul

Kann man den Entscheidungen Künstlicher Intelligenz trauen? Zu den Auswirkungen unsicherer Daten auf die Entscheidungen Neuronaler Netze 26
Thomas Krapf, Bernd Heinrich

Mensch vs. Maschine: Wettbewerb und Kooperation mit künstlicher Intelligenz in digitalen Märkten 30
Andreas Schauer, Daniel Schnurr

Notfallpläne für den Ernstfall testen 34
Maria Leitner

Maschinelles Lernen mit Anwendungen in den Naturwissenschaften 37
Merle Behr, Markus Schmitt

Automatisierte, KI-basierte Analyse von Bilddaten:

Der Lehrstuhl für Bildverarbeitung

Dorit Merhoff

40

Die Genome des Menschen – Forschungsschwerpunkte der Arbeitsgruppe für Algorithmische Bioinformatik

Birte Kehr

43

Algorithmen zum Entschlüsseln der Genregulation

Francisca Rojas Ringeling, Stefan Canzar

46

Mit Hilfe von Daten Immunprozesse entschlüsseln:

Der Lehrstuhl Computational Immunology

Florian Erhard

49

Maschinelles Lernen enthüllt den verborgenen Prozess der Tumorentstehung

Linda Hu, Andreas Lösch, Rainer Spang

52

Allgegenwärtige Mensch-Maschine-Interaktion: Entwicklung, Forschung und Infrastruktur der Medieninformatik

Raphael Wimmer, Johanna Bogon, Niels Henze, Christian Wolff

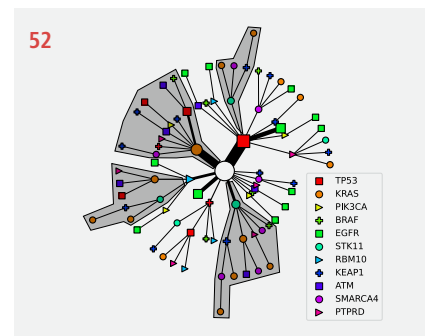
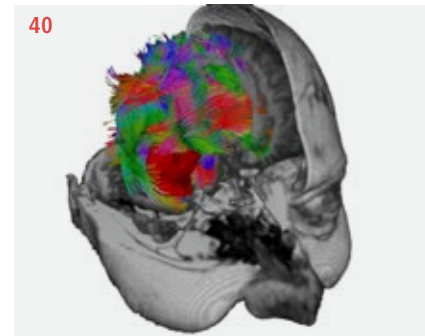
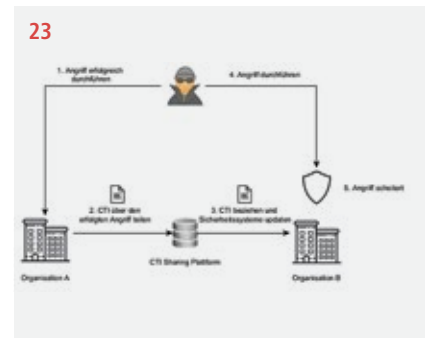
54

Wissen aus dem Internet – Genug, genau, geprüft und geeignet?

Informationswissenschaft in Regensburg

Udo Kruschwitz, Bernd Ludwig, David Elsweiler

60



SOFTWAREENTWICKLER (M/W/D) GESUCHT

Voll- oder Teilzeit (30 -40 Std.) | Alle Fachbereiche

Hallo, **wir sind mb Support.**

Seit 20 Jahren unterstützen wir die Versicherungswirtschaft mit unseren Lösungen, u.a. Konzerte und Kunstwerke weltweit zu versichern. Als inhabergeführtes **Familienunternehmen** arbeiten wir auf Augenhöhe in einer familiären Atmosphäre. Als stark wachsendes und profitables Unternehmen bieten wir gleichzeitig **attraktive Benefits**.

Wer bist du? Jedes unserer rund 60 Teammitglieder bringt seine eigene Persönlichkeit, Geschichte und Perspektive mit. Für uns zählt, was dich interessiert, was dich antreibt, wie du bist. Du entscheidest, wie du bei uns mitgestalten möchtest. **Wir freuen uns auf dich.**

Die gesamte Stellenausschreibung findest du auf www.mbsupport.de/karriere.

www.mbsupport.de | Friedenstraße 18 | 93053 Regensburg | +49 941 942 60 0 | mb Support GmbH

Algorithmen zum Entschlüsseln der Genregulation

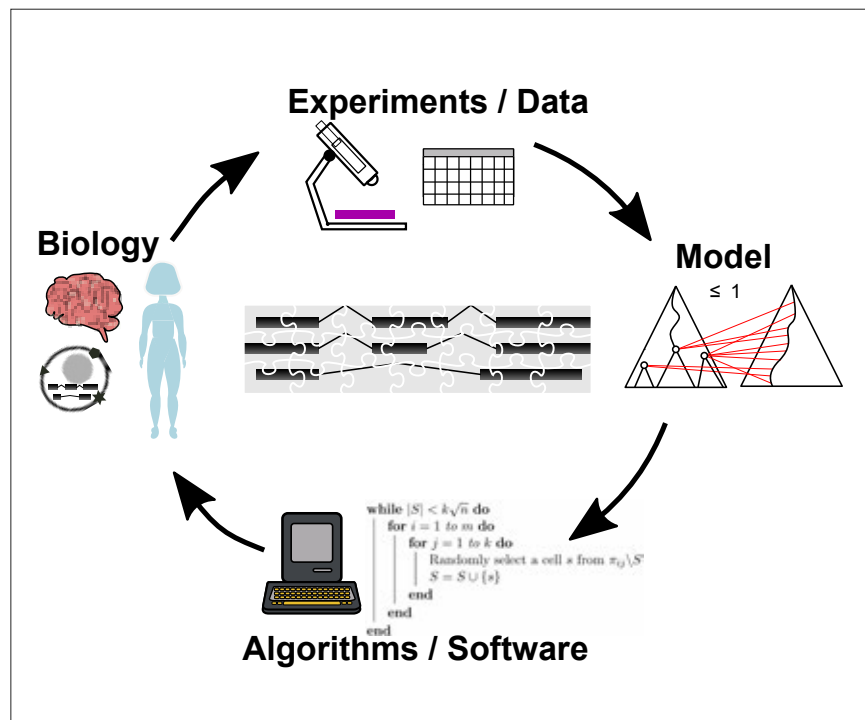
Dr. Francisca Rojas Ringeling, Prof. Dr. Stefan Canzar

Die Hochdurchsatz-Sequenzierung erzeugt riesige Mengen fragmentierter genetischer Daten. Unser Labor verwendet fortschrittliche Algorithmen, um diese Informationen wieder zusammensetzen und versteckte Muster zu erkennen.

Höhere Organismen speichern ihr genetisches Material als Desoxyribonukleinsäure (DNA) in den Zellkernen. In einem Prozess namens Transkription werden einzelne Abschnitte, die Gene, in Boten-Ribonukleinsäuren (mRNAs) umgewandelt. Anschließend entstehen durch den Translationsprozess Proteine als wichtigste Funktionseinheiten.

Die genaue Rekonstruktion der grundlegenden Proteinmuster in den genetischen Bauplänen des Lebens kann uns helfen, die Zellbiologie zu verstehen und spezifische Muster in Genen zu identifizieren, die Krankheiten hervorrufen. Die bevorzugte Methode zur Umwandlung von Proben zellulärer RNA und anderer zellulärer Merkmale in genetische Daten ist die (RNA-)Sequenzierung, die Hunderte Millionen kleiner Datenfragmente, sogenannte Reads, erzeugt. In unserem Labor entwickeln wir Algorithmen und Open-Source-Software, die genomische Reads zu molekularen Messungen und komplexeren Zellmustern zusammenfügt, um neue Einblicke in fundamentale Probleme der Biologie und menschliche Krankheiten zu gewinnen.

Für die Entwicklung präziser und effizienter Rechenmethoden kombinieren wir Techniken aus der sogenannten »large-scale« Optimierung, der mathematischen Programmierung, und des maschinellen Lernens. Beispielsweise haben wir (i) exakte und approximative Algorithmen für die Färbung von Graphen entwickelt, um die Auflösung experimenteller Proteinstrukturdaten zu erhöhen, (ii) neuronale Netze

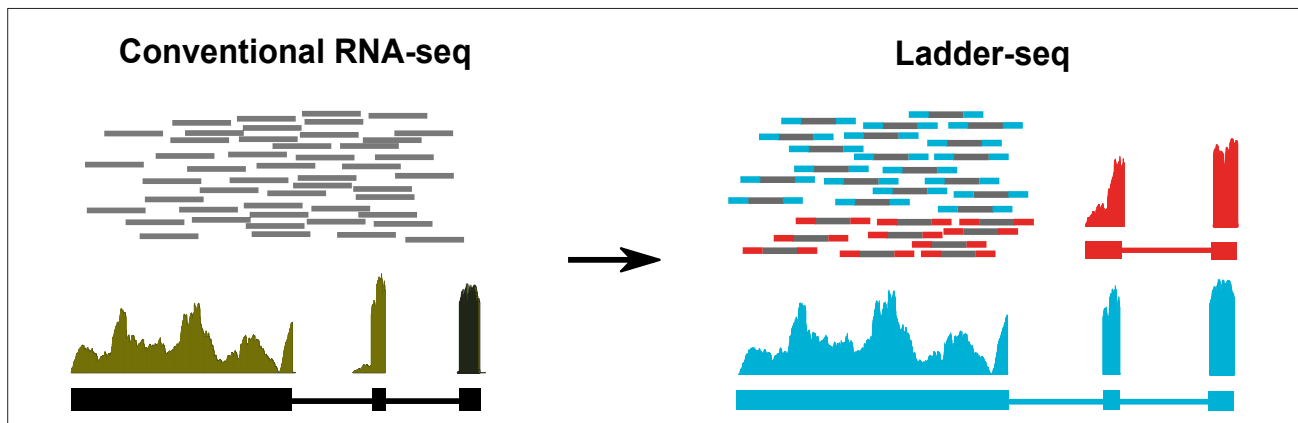


1 Wir arbeiten eng mit Biologen und Medizinern zusammen, um von einer konkreten biologischen Probleminstanz zu einer formalen Problemklasse zu abstrahieren, deren Lösungen für ein breites Spektrum biomedizinischer Fragestellungen nützlich sind. Basierend auf dem extrahierten Modell entwickeln und analysieren wir Algorithmen, die effizient sind in Theorie und Praxis, und die wir in flexible und benutzerfreundliche Softwaretools umsetzen.

verwendet, um hochdimensionale Einzelzell-Messungen in einen interpretierbaren niedrigdimensionalen Raum zu projizieren, und (iii) Dynamic-Time-Warping, das u. a. in der Spracherkennung zur Anwendung kommt, für den Vergleich von komplexen Differenzierungs-Trajektorien erweitert.

Wir übersetzen die entwickelten Algorithmen in hochwertige Softwarelösungen und wenden sie in enger Zusammenarbeit mit Biologen und Medizinern an, um neue Erkenntnisse, z. B. in der Genregulation, zu gewinnen (Fig. 1). In einer Kollaboration

mit dem Labor von Dr. Song (University of Pennsylvania) haben wir beispielsweise zur Entdeckung (i) des embryonalen Ursprungs adulter neuronaler Vorläuferzellen sowie (ii) der zeitlichen Regulation der Gehirnentwicklung von Mäusen durch chemische Modifikationen der einzelnen mRNA-Bausteine beigetragen. Dr. Feuchtinger von der Kinderklinik der LMU München haben wir dabei geholfen, die Expression des TIM-3-Gens mit einem erhöhten Rückfallrisiko bei Kindern mit Leukämie (ALL) in Verbindung zu bringen.



2 In Ladder-seq wird den Sequenzfragmenten Farbinformation hinzugefügt, die es unseren maßgeschneiderten Algorithmen erlaubt Transkripte zu identifizieren, die für konventionelles RNA-Seq unsichtbar sind.

Algorithmen für die Rekonstruktion des Transkriptoms

Das Zusammensetzen von vielen Millionen von RNA-Fragmenten aus der RNA-Sequenzierung (RNA-Seq) zu vollständigen molekularen Sequenzen, den sogenannten Transkripten, ähnelt dem Lösen eines Puzzles und ist sehr schwierig. Wir haben dafür die Methode *CIDANE* entwickelt, die kombinatorische Optimierung mit maschinellem Lernen vereint, um Transkripte präziser als existierende Methoden zu rekonstruieren. Anstatt zu versuchen, die Ergebnisse der genetischen Transkription rechnerisch zu rekonstruieren, haben wir in der Methode *McSplicer* ein vereinfachtes probabilistisches Modell des zugrunde liegenden Prozesses entwickelt. Das Modell basiert auf der Nutzung elementarer Bausteine von Transkripten, die in *McSplicer* mit einem iterativen Optimierungsalgorithmus effizient quantifiziert wird. Damit lassen sich vielfältige Folgen einzelner Mutationen effektiv beschreiben, wie wir in Experimenten mit RNA-Seq Daten von Patienten mit Autismus-Spektrum-Störungen veranschaulicht haben.

Durch die experimentelle Fragmentierung der RNA geht jedoch ein Informationsverlust einher, der durch rechnergestützte Methoden allein nicht wiederhergestellt werden kann. Unser Team hat deshalb Ladder-seq entwickelt, das Änderungen am RNA-Seq Protokoll mit maßgeschneiderten Algorithmen kombiniert, um Transkripte zu identifizieren, die für konventionelle RNA-Seq Methoden unsichtbar sind (Fig. 2). Bildlich gesprochen fügt ein zusätzlicher Schritt im Experiment den genetischen Puzzleteilen Farbinformationen hinzu, die von unseren Algorithmen genutzt werden, um die Puzzlestücke präziser

als bisher zusammensetzen. Mit Ladder-seq konnten wir so die Funktion regulatorischer Einheiten neuronaler Stammzellen im Gehirn von Mäusen entschlüsseln.

Effiziente Algorithmen für Einzelzell-Omics

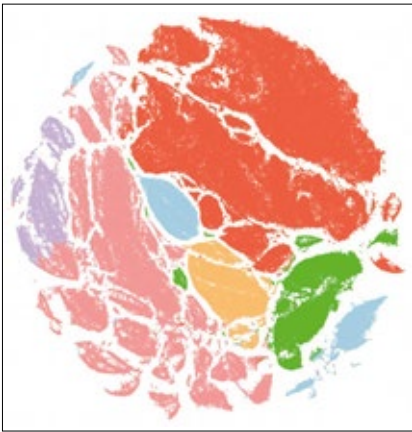
Experimentelle Methoden für die Sequenzierung von RNA in einzelnen Zellen haben die Forschung in der Biologie und der Medizin revolutioniert. Um das volle Potenzial der Einzelzell-Genomik auszuschöpfen, entwickeln wir Algorithmen, die die Lücke zwischen der Skalierbarkeit aktueller Analysemethoden und der schier Menge der erzeugten Daten schließen können. Gleichzeitig verknüpfen die von uns entwickelten Berechnungsmethoden mehrere durch neue Technologien gemessene Modalitäten, darunter Genom, Transkriptom, Epigenom und Proteom, um Zelltypen, z. B. im Kontext des Immunsystems, zu verfeinern.

Während heute die Genexpression von vielen Millionen Zellen gleichzeitig experimentell gemessen werden kann, stößt die rechnergestützte Interpretation der erzeugten Daten, um z. B. neuartige Zelltypen zu identifizieren, bei der Verwendung von existierenden Algorithmen schnell an ihre Grenzen. In der Einzelzell-Genomik kommen deshalb häufig vereinfachte Methoden zur Anwendung, die komplexe biologische Zusammenhänge nicht erfassen können. Im Gegensatz zu diesem »Mehr-Daten-weniger-Methoden«-Trend verfolgen wir in unserer Forschung einen »Relevante-Daten-mehr-Methoden«-Ansatz. So berechnet unsere Methode *Sphetcher* eine dünnbesetzte Repräsentation der Daten, die auf der einen Seite

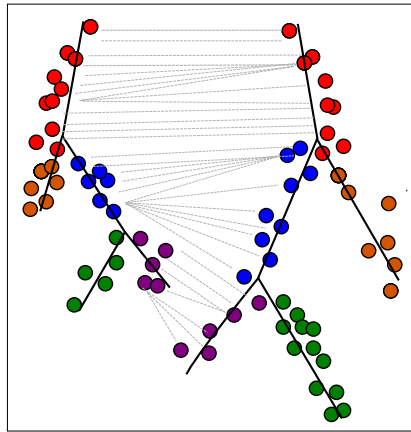
den experimentell erfassten molekularen Raum akkurat abdeckt, aber gleichzeitig die Analyse mit komplexen Algorithmen ermöglicht. Ein solcher sogenannter Einzelzell-»Sketch« kann seltene Zelltypen zum Vorschein bringen, wie wir mit der Identifikation einer seltenen Population von inflammatorischen Makrophagen in Nabelschnurblutzellen demonstriert haben. Ein Sketch erleichtert darüber hinaus die Visualisierung und den Austausch großer Datensätze, und beschleunigt aufwendige Analysen wie die Rekonstruktion von Differenzierungs-Trajektorien. Ein effizienter Algorithmus ermöglicht es *Sphetcher*, einen Sketch aus mehr als zwei Millionen Zellen von Mausembryonen in nur 16 min zu berechnen.

Eine weitere grundlegende Aufgabe in der Analyse der RNA-Expression in Einzelzellen ist die Identifizierung transkriptionell unterschiedlicher Zellgruppen (Fig. 3). Eine algorithmische Innovation ermöglicht es unserem Softwaretool *Spectre*, einen Datensatz mit zwei Millionen Zellen in weniger als einer halben Stunde zu analysieren. Der in *Spectre* implementierte Ensemble-Lernansatz ist außerdem in der Lage, multimodale Omics-Messungen, wie die Expression von mRNA und Oberflächenproteinen, zu kombinieren, um feinste transkriptomische Unterschiede zwischen Subpopulationen von z. B. Gedächtnis-T-Zellen aufzulösen.

Die Visualisierung von solchen multimodalen Omics-Daten erfolgt meist mittels einer t-SNE oder UMAP Einbettung (Fig. 3) der einzelnen Modalitäten, die anschließend manuell zu einem Gesamtbild zusammengesetzt werden müssen. Wir haben die beiden Algorithmen so erweitert, dass die berechneten Einbettungen mehrere Modalitäten gleichzeitig berücksichtigen



3 t-SNE Einbettung verschiedener Zelltypen des Nervensystems der Maus.



4 Trajan match einzelne Zellen zwischen biologischen Prozessen, um Veränderungen der Genexpression entlang komplexer Differenzierungs-Trajektorien zu vergleichen.

und so die visuelle Interpretation von multimodalen Omics-Daten deutlich vereinfachen. Unsere beiden Algorithmen *j-SNE* und *j-UMAP* sind im Softwarepaket *JVis* frei verfügbar und wurden bereits mehr als 50,000-mal heruntergeladen.

Die Einzelzellanalyse erlaubt darüber hinaus die Rekonstruktion von Trajektorien, die dynamische Veränderungen der RNA-


Expression während eines biologischen Prozesses beschreiben. Der Vergleich von Differenzierungs-Trajektorien von Immunzellen, die verantwortlich sind für unterschiedlich erfolgreiche Immunantworten gegen eine Infektion, kann z. B. Aufschluss geben über den zugrunde liegenden molekularen Regulationsmechanismus, und so die Behandlung von Infektionserkran-

kungen verbessern. Wir haben dazu die Methode *Trajan* entwickelt, die es erstmals ermöglicht, komplexe Differenzierungs-Trajektorien systematisch zu vergleichen (Fig. 4). *Trajan* löst dazu eine Variante des »Constraint-Matching«-Problems, das wir theoretisch mit Dynamic-Time-Warping (DTW) verknüpft haben. DTW wird für den Vergleich von zeitlichen Sequenzen, z. B. in der Spracherkennung, verwendet. In einem Vergleich einzelner Zelltrajektorien, die die Differenzierung menschlicher Muskeln und die myogene Reprogrammierung menschlicher Fibroblasten beschreiben, identifizierte *Trajan* die Korrespondenz zwischen Kernprozessen der beiden Trajektorien, anhand derer wir seit kurzem bekannte Hindernisse der myogenen Reprogrammierung reproduzieren konnten.

Wir werden auch in Zukunft Algorithmen und Open-Source-Software entwickeln, die dazu beitragen können, die vielen Teile des größeren Puzzles der Genregulationsnetzwerke in den Zellen zusammensetzen, und dadurch unser Verständnis der zellulären Identität und Funktion, im gesunden Körper und bei Krankheiten, verbessern.



Dr. Francisca Rojas Ringeling schloss 2009 ihr Studium der Medizin an der Universität von Chile in Santiago Chile ab. Nach Abschluss ihrer Facharztausbildung in Medizinischer Genetik am Klinischen Krankenhaus der Universität von Chile im Jahr 2013 zog sie in die Vereinigten Staaten und schrieb sich an der Johns Hopkins University School of Medicine für ihre Promotion in Humangenetik ein. Ihre Doktorarbeit im Labor von Dr. Hongjun Song und Dr. Guo-li Ming konzentrierte sich auf die posttranskriptionelle Regulierung der embryonalen Neurogenese mit einem Schwerpunkt auf Genomik und Bioinformatik. Im Jahr 2019 wechselte sie als Postdoktorandin in das Labor von Dr. Stefan Canzar am Genzentrum der Ludwig-Maximilians-Universität, bis sie 2023 als Research Assistant Professor an die Penn State University kam.



Prof. Dr. Stefan Canzar studierte Informatik in München und war von 2005 bis 2008 am Max-Planck-Institut für Informatik, Abteilung für Algorithmen und Komplexität, tätig. Er erhielt seinen binationalen Dokortitel in Informatik von der Universität des Saarlandes (Deutschland) und der Université Henri Poincaré (Frankreich) im Jahr 2008. Nach seiner Postdoc-Phase am Centrum Wiskunde & Informatica (Amsterdam) und am Johns Hopkins Institute of Genetic Medicine (Baltimore) war er ab 2014 als Research Assistant Professor am Toyota Technological Institute in Chicago tätig. Ab 2016 leitete er eine unabhängige Forschungsgruppe am Genzentrum der LMU München, bis er 2023 als Associate Professor an die Penn State University wechselte. Seit Oktober 2023 ist er Inhaber des Lehrstuhls für Algorithmische Bioinformatik an der Universität Regensburg.