



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.

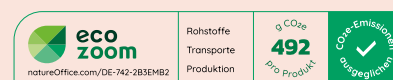
Abonnementservice
bestellung@univerlag-regensburg.de

Anzeigenleitung
Larissa Nevecny
MME-Marquardt
info@mme-marquardt.de

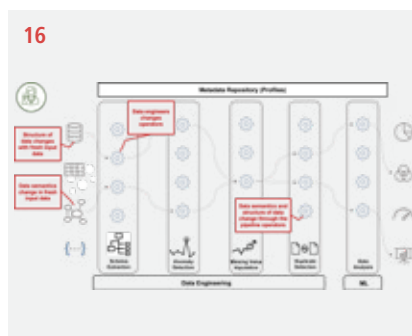
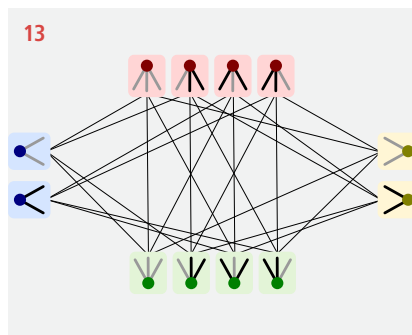
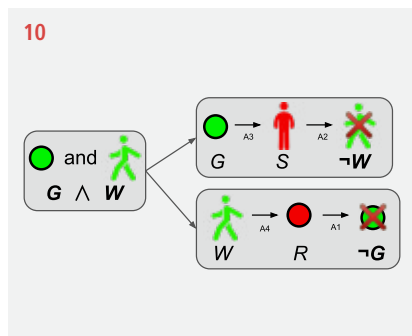
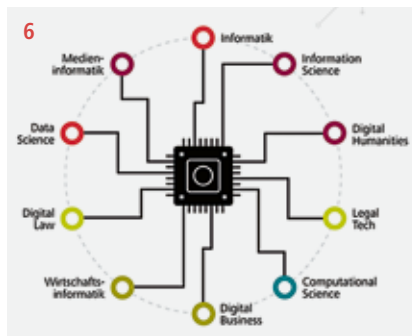
Herstellung
Universitätsverlag Regensburg GmbH
info@univerlag-regensburg.de

**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 Regens-
burg e.V., des Vereins der Freunde der Uni-
versität Regensburg e.V. und des Vereins
ehemaliger Zahnmedizinstudenten Regens-
burg e.V.** ist der Bezug des Forschungsma-
gazins im Mitgliedsbeitrag enthalten.



Inhalt



Einleitung

Florian Erhard, Bernd Heinrich, Meike Klettke, Christian Wolff

Lehre an der Fakultät für Informatik und Data Science

Florian Erhard, Udo Kruschwitz, Bernd Heinrich, Christian Wolff

Automatisches Beweisen: Methoden und Anwendungen

Julie Cailler, Philipp Rümmer

Algorithmen und Komplexitätstheorie

Radu Curticapean

Evolution in Datenbanken und Data Engineering Workflows

Meike Klettke

IoT-basiertes Prozessmanagement – Mobile Benutzerführung in der digitalen Fabrik

Stefan Schöning

Cyber Threat Intelligence: Gemeinschaftliche IT-Sicherheit durch den Austausch von Informationen

Johannes Grill, Daniel Schlette, Günther Pernul

Kann man den Entscheidungen Künstlicher Intelligenz trauen? Zu den Auswirkungen unsicherer Daten auf die Entscheidungen Neuronaler Netze

Thomas Krapf, Bernd Heinrich

Mensch vs. Maschine: Wettbewerb und Kooperation mit künstlicher Intelligenz in digitalen Märkten

Andreas Schauer, Daniel Schnurr

Notfallpläne für den Ernstfall testen

Maria Leitner

Maschinelles Lernen mit Anwendungen in den Naturwissenschaften

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

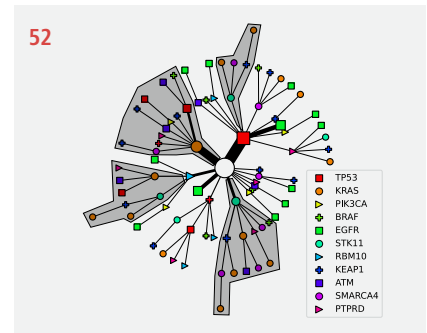
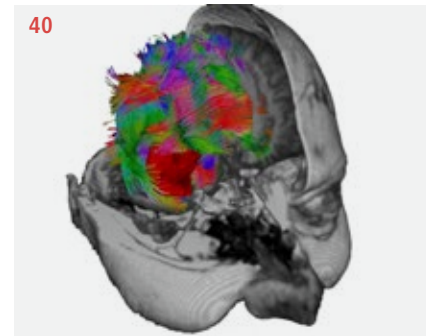
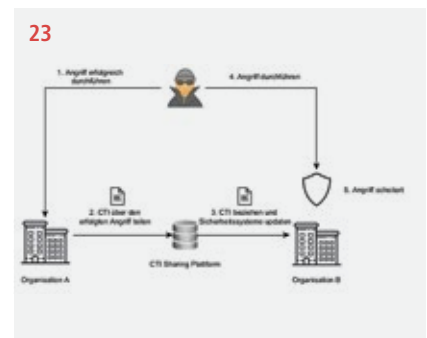
54

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

Maschinelles Lernen enthüllt den verborgenen Prozess der Tumorentstehung

Linda Hu, Andreas Lösch, Prof. Dr. Rainer Spang

Künstliche Intelligenz und maschinelles Lernen halten in immer größerem Maße Einzug in diverse Forschungsfelder, darunter auch die Medizin. Ihre Bedeutung erstreckt sich nicht nur auf die Verbesserung von Diagnoseverfahren und Therapieentscheidungen, sondern sie erlauben es auch, bisher völlig undenkbare Einblicke in die Natur von Krankheiten zu gewinnen, wie das folgende Beispiel veranschaulicht.

Tumore entwickeln sich, lange bevor sie klinisch nachweisbar sind. Auf genetischer und molekularer Ebene ereignen sich in dieser Phase bereits für den Krankheitsverlauf entscheidende Weichenstellungen. Die Krebszellen sammeln zahlreiche Mutationen an, adaptieren durch diese interne Signalwege und verändern ihren Stoffwechsel, es kommt zur Neubildung von Blutgefäßen im Gewebe, und häufig tritt eine Entzündungsreaktion auf. All diese Vorgänge ereignen sich an Orten, an denen wir sie klinisch nicht beobachten können. Sie lagen bisher im Dunklen.

Innovative Methoden des maschinellen Lernens bringen diese verborgenen Prozesse nun ans Licht. Wissenschaftler des Regensburg-Erlanger Forschungsverbundes TRR 305, darunter Rainer Spang, Linda Hu und Andreas Lösch vom Lehrstuhl für Statistische Bioinformatik, entwickeln neue Lernverfahren, die in der Lage sind, aus späten klinischen Momentaufnahmen den Verlauf der Krankheit von Beginn an zu rekonstruieren.

Daten zu einem Tumor werden erst nach seiner klinischen Entdeckung durch eine Gewebsektomie erfasst. Zu diesem Zeitpunkt haben bereits zahlreiche genetische Ereignisse stattgefunden, und wir

können Tumor für Tumor erfassen, welche Veränderungen eingetreten sind. Die Herausforderung besteht nun darin, aus diesen statischen Momentaufnahmen, in der Regel ist es nur eine pro Patient*in, den dynamischen Prozess ihrer Entstehung nachzuvollziehen.

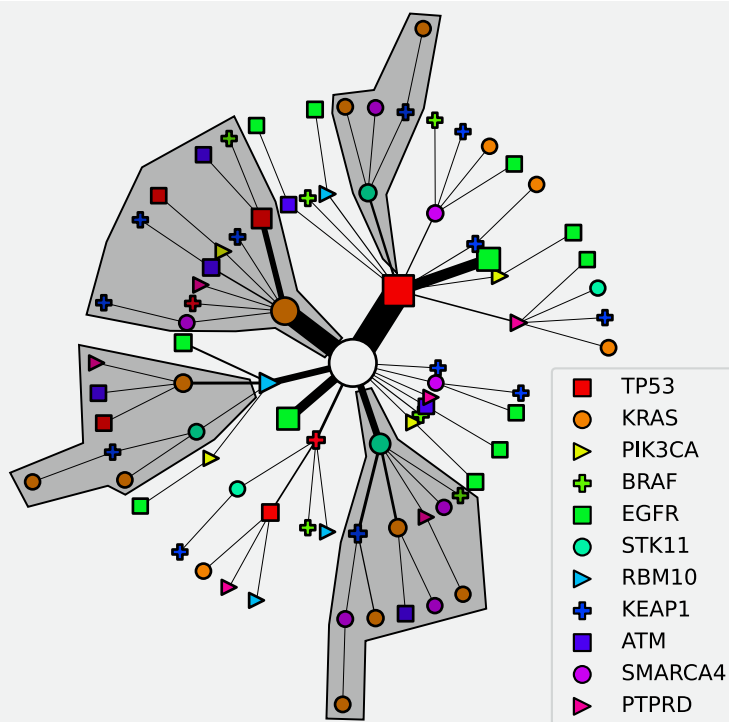
Um die Methode zu verstehen, ist es hilfreich, sich eine analoge Situation in unserem Alltag vorzustellen, bei der wir ein ähnliches Problem intuitiv bewältigen. Stellen Sie sich also vor, Sie machen einen Stadtspaziergang und kommen an einer Kreuzung an. Dort beobachten Sie, dass sich bereits vier Ereignisse zugetragen haben: Ein Krankenwagen ist eingetroffen, es hat geschneit, es hat einen Unfall gegeben, und die Straße wurde gestreut. Es sollte nicht schwer sein, diese vier Ereignisse in eine sinnvolle zeitliche Reihenfolge zu bringen, da Sie wissen, dass beispielsweise Schnee auf den Straßen die Unfallgefahr erhöhen kann, oder dass ein Krankenwagen oft gerufen wird, wenn sich zuvor ein Unfall ereignet hat. Ähnlich gehen wir bei einem Tumor vor, der drei spezifische Mutationen aufweist, Blutgefäße entwickelt hat und metastasiert ist. Hierbei gibt es jedoch eine zusätzliche Schwierigkeit: Wir sind uns a priori nicht im Klaren darüber, welchen Einfluss jedes dieser fünf Ereignisse auf die Entstehungsrate der anderen vier hatte. Diese bedingten Raten müssen wir aus den Daten destillieren. Wenn ein Ereignis nach seinem Auftreten die Rate eines anderen Ereignisses erhöht, ist es wahrscheinlich, dass beide Ereignisse häufig im selben Tumor auftreten. Im Gegensatz dazu, wenn zwei Ereignisse ihre Raten gegenseitig verringern, treten sie nur selten im selben Tumor auf.

Der Umkehrschluss ist weitaus komplexer und weniger intuitiv. Daher greift man auf Methoden des Maschinellen Lernens zurück, um aus Momentaufnahmen zunächst bedingte Entstehungsraten zu berechnen und anschließend ein dynamisches Modell der Tumorentwicklung zu erstellen. An unserem Lehrstuhl haben wir ein generatives Modell entwickelt, mit dem wir Millionen realistischer Progressionswege virtueller Tumore generieren können, ohne dass tatsächlich jemand erkranken muss. Während Momentaufnahmen dieser KI-generierten Fortschrittswege genauso aussehen wie Mutationsbilder realer Tumore, zeichnen sich die virtuellen Tumore dadurch aus, dass ihre gesamte Entwicklungschronik transparent ist.

In diesen virtuellen Tumorchroniken (Abbildung 1) können wir direkt nachvollziehen, in welcher Reihenfolge Mutationen auftreten, die den Krebs aggressiver machen. In Abbildung 1 wurden solche typische Abfolgen für Patienten errechnet, von denen nur eine Momentaufnahme zur Verfügung stand. Eine typische Abfolge für Lungenkarzinome von Rauchern ist beispielsweise STK11-KEAP1-SMARCA4-KRAS (Abbildung 1 auf 6 Uhr). SMARCA4 kann Metastasenbildung bedeuten, während KRAS für beschleunigte Krebszellteilung steht. Unsere aktuellen Modelle beschränken sich noch ausschließlich auf die Rekonstruktion der Mutationsgeschichte der Tumore, nicht-genetische Ereignisse berücksichtigen wir noch nicht, werden dies aber bald in Angriff nehmen.

Ähnlich wie bei generativen Sprachmodellen, wie ChatGPT, planen wir in der Zukunft unser Modell mit spezifischen

Bildnachweis: Y. Linda Hu, Andreas Lösch



1 Typische Entwicklungsmuster für Mutationen in Lungenkarzinomen, errechnet aus vielen Momentaufnahmen. Jedes farbige Symbol steht für eine bestimmte Mutation. Jeder Pfad, vom gesunden Zustand in der Mitte nach außen, kennzeichnet mit der Pfaddicke wie viele Patienten diesen Weg vermutlich durchlaufen hatten. Für Raucher typische Abfolgen sind mit grau hinterlegt.

Referenzen

Schill, R., Solbrig S., Wettig, T., Spang R., Modelling cancer progression using Mutual Hazard Networks, *Bioinformatics*, Volume 36, Issue 1, January 2020, Pages 241–249, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz513>

Klever, M., Georg, P., Grasedyck, L., Schill, R., Spang, R., Wettig, T.: Low-rank tensor methods for markov chains with applications to tumor progression models. *Journal of Mathematical Biology* 86(1) (Dec 2022). <https://doi.org/10.1007/s00285-022-01846-9>

Rupp, K., Schill, R., Süskind, J., Georg, P., Klever, M., Lösch, A., Grasedyck, L., Wettig, T., Spang, R.: Differentiated uniformization: A new method for inferring markov chains on combinatorial state spaces including stochastic epidemic models (2021). <https://doi.org/10.48550/ARXIV.2112.10971>, <https://arxiv.org/abs/2112.10971>

»Prompts« zu starten. So initiieren wir den Entwicklungsprozess nicht bei einem gesunden Individuum, sondern mit einer Momentaufnahme des Tumors eines Patienten. Das generative Modell setzt die Geschichte des Tumors des Patienten virtuell fort. Erneut können wir Millionen möglicher Fortsetzungen generieren und

dann analysieren, welche Gemeinsamkeiten sie aufweisen. Wir sind der Überzeugung, dass dieser virtuelle Einblick in den zukünftigen Verlauf einer Krankheit Ärzten maßgeblich dabei hilft, eine optimale personalisierte Therapiestrategie für ihre Patienten zu entwickeln.



Foto © Rainer Spang

Prof. Dr. Rainer Spang

leitet den Lehrstuhl für statistische Bioinformatik an der Fakultät für Informatik und Data Science. Seine Forschung verbindet statistische Methodenentwicklung mit angewandter Data-Science in der Krebsforschung. Seit über 8 Jahren spielt dabei die Rekonstruktion der Tumorprogression eine wichtige Rolle in der Forschung seines Lehrstuhls.



Foto © Y. Linda Hu

Y. Linda Hu, M. Sc.,

ist wissenschaftliche Mitarbeiterin am Lehrstuhl für statistische Bioinformatik an der Universität Regensburg. Seit April 2023 promoviert sie bei Prof. Dr. Rainer Spang, nachdem sie zuvor, ebenfalls an der Universität Regensburg, ihr Mathematikstudium mit dem Master abschloss. Sie forscht als Teil des DFG-geförderten transregionalen Sonderforschungsbereichs zu Metastasenentwicklung an der statistischen Modellierung von Tumorprogression.

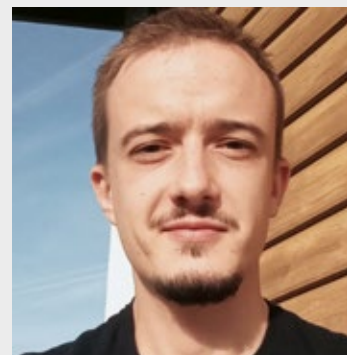


Foto © Andreas Lösch

Andreas Lösch, M. Sc.,

ist wissenschaftlicher Mitarbeiter am Lehrstuhl für statistische Bioinformatik an der Universität Regensburg. Vor der Promotion bei Prof. Dr. Spang schloss er das Masterstudium der Biologie an der Universität Regensburg ab. Er forscht als Teil des DFG-geförderten transregionalen Sonderforschungsbereichs zu Metastasenentwicklung an der statistischen Modellierung von Tumorprogression.