
Algorithmische Bioinformatik: Bäume und Graphen

LEHRFORM:

Aufgrund der aktuellen Lage bzgl. SARS-CoV-2 wird dieses Modul zuerst in Form digitaler Lehre starten. Inwieweit und ggf. wann eine Rückkehr zur Präsenzlehre möglich sein wird, ist aktuell nicht absehbar und wird sich erst im Laufe des Semester zeigen.

VORLESUNG:

Montags 12:15–13:45 Uhr, Hörsaal B006, Theresienstr. 39
Mittwochs 10:15–11:45 Uhr, Hörsaal A027, Theresienstr. 37

ÜBUNGEN:

Mittwochs 12:15–13:45 Uhr, Hörsaal B039, Theresienstr. 39
Erste Übungsbesprechung voraussichtlich am 29. April per Videokonferenz

DOZENT:

Volker Heun
Zimmer: 303, Amalienstr. 17
E-Mail: Volker.Heun@bio.ifl.lmu.de
Web: www.bio.ifl.lmu.de/~heun
Sprechstunde: Mi 14–15 und Do 13–14 sowie nach Vereinbarung

WEBSEITE UND MOODLE ZUR VORLESUNG:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ss2020/vlg_algo_bg
moodle.lmu.de/course/view.php?id=6610

VORAUSSETZUNGEN:

Diese Vorlesung ist eine Wahlveranstaltung im Bereich Bioinformatik für Studierende der Bioinformatik im (Bachelor oder Master) bzw. eine Vorlesung für Studierende der Informatik (Master)

Der erfolgreiche Besuch der Veranstaltung *Algorithmische Bioinformatik I bzw. II* ist empfehlenswert, aber keine Voraussetzung.

INHALT:

Der Inhalt dieser Vorlesung ist das Studium grundlegender effizienter Algorithmen für Probleme der Bioinformatik für die Bäume und Graphen fundamental sind:

Physical Mapping: PQ-Bäume und Consecutive Ones Property; PQR-Bäume, PC-Bäume und andere Varianten; Exkurs: Union-Find-Datenstrukturen; Intervall-Graphen und parametrisierte Sandwich-Probleme.

Evolutionäre Bäume: binäre perfekte Phylogenie; allgemeine perfekte Phylogenie; perfekte Phylogenie mit zwei Zuständen; ultrametrische Bäume; additive Bäume; kompakt additive Bäume; Exkurs: Priority Queues und Fibonacci-Heaps; Sandwich- und Approximationsprobleme; Splits und Splits-Graphen.

LERNERGEBNISSE:

Die Teilnehmer sind in der Lage, biologische Problemstellungen, wie die Erstellung von Phylogenien und Linearisierung von genomischen Gruppen, mithilfe von Graphen und speziell Bäumen geeignet zu modellieren, damit sie einem automatisierten Lösungsverfahren zugänglich sind, die algorithmische Komplexität (bzgl. der Komplexitätsklassen P, NP, NPC, PSPACE, EXPTIME, etc.) des zugehörigen Problems einzuordnen, Algorithmen für deren Lösung zu entwerfen und diese im Hinblick auf deren Effektivität (Korrektheit) und Effizienz (bzgl. Laufzeit und Speicherplatzverbrauch) zu analysieren.

SKRIPT UND SCREENCASTS:

Vorlesungsbegleitend wird das Skript aktualisiert und ggf. werden ScreenCasts zur Verfügung gestellt.

VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Die Übungsblätter werden voraussichtlich mittwochs ausgegeben und sind in der Regel in der darauf folgenden Woche **freitags bis 09⁰⁰** via Moodle abzugeben. Die Diskussion der Übungsaufgaben erfolgt jeweils am darauf folgenden Mittwoch. Kurzfristige Änderungen des Zeitplans wegen der aktuellen Lage sind jedoch möglich. Die Übungsblätter sind auf der Vorlesungswebseite erhältlich.

ANMELDUNG ZUM VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Zur Teilnahme am Modul und an der Modulprüfung ist aus organisatorischen Gründen eine elektronische Anmeldung zum Vorlesungs- und Übungsbetrieb bis **spätestens 01. Mai 2020** unter der folgenden URL erforderlich:

www.bio.ifi.lmu.de/studium/ss2020/vlg_algo_bg

MODULPRÜFUNG:

Um die Modulprüfung zu bestehen, ist eine erfolgreiche Teilnahme an der Semestralprüfung erforderlich. Die Semestralprüfung wird als Semestralklausur durchgeführt. Die Semestralklausur ist für den Zeitraum 20. Juli mit 14. August 2020 vorgesehen, aufgrund der aktuellen Lage ist auch ein Termin erst im September oder Oktober nicht auszuschließen. Nähere Informationen zur Semestralklausur erfolgen auf einem gesonderten Informationsblatt voraussichtlich Anfang Juni.

LITERATUR:

P. Clote, R. Backofen: *Introduction to Computational Biology*; John Wiley & Sons, 2000.

J. Felsenstein: *Inferring Phylogenies*; Sinauer Associates, 2004.

D. Gusfield: *Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology*; Cambridge University Press, 1997.

D. Huson, R. Rupp, C. Scornavacca: *Phylogenetic Networks*; Cambridge University Press, 2010.

M. Nei, S. Kumar: *Molecular Evolution and Phylogenetics*; Oxford University Press, 2000.

C. Semple, M. Steel: *Phylogenetics*; Oxford University Press, 2003.

sowie *Originalarbeiten*.