
Algorithmische Bioinformatik: Bäume und Graphen

VORLESUNG: (Beginn am Dienstag, den 18. April)

Dienstags 10:15–11:45 Uhr, Hörsaal B046, Theresienstr. 39

Donnerstags 10:15–11:45 Uhr, Hörsaal B046, Theresienstr. 39

ÜBUNGEN: (Erste Übungsbesprechung voraussichtlich am 4. Mai)

Donnerstags 12:00–13:30 Uhr, Hörsaal B046, Theresienstr. 39

DOZENT:

Volker Heun

Zimmer: 303, Amalienstr. 17

E-Mail: Volker.Heun@bio.ifl.lmu.de

Web: www.bio.ifl.lmu.de/~heun

Sprechstunde: nach Vereinbarung

WEBSEITE UND MOODLE ZUM MODUL:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ss2023/vlg_algo_bg

moodle.lmu.de/course/view.php?id=26252

ZIELGRUPPE, VORAUSSETZUNGEN UND VORBEREITUNGEN:

Dieses Modul ist ein Wahlmodul im Bereich Bioinformatik für Studierende der Bioinformatik (Bachelor oder Master) bzw. für Studierende der Informatik (Master).

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

Es wird empfohlen, bis zum Beginn des Moduls insbesondere den Stoff der folgenden Module aufzufrischen: *Algorithmische Bioinformatik I und II* (insbesondere zur Approximierbarkeit) und *[Grundlagen:] Algorithmen und Datenstrukturen* (insbesondere zu Union-Find, Priority Queues, Fibonacci-Heaps).

INHALT:

Der Inhalt dieses Moduls 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:

Vorlesungsbegleitend wird das Skript aktualisiert.

VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Die Übungsblätter werden voraussichtlich donnerstags ausgegeben und sind in der Regel in der darauf folgenden Woche **samstags bis 10⁰⁰ Uhr** via Moodle abzugeben. Die Besprechung der Übungsaufgaben erfolgt jeweils am darauf folgenden Donnerstag. Die Übungsblätter sind auf der Modulwebseite und in Moodle erhältlich.

ANMELDUNG ZUM MODUL:

Zur Teilnahme am Modul und an der Modulprüfung ist aus organisatorischen Gründen eine elektronische Anmeldung zum Module bis **spätestens 28. April 2023** unter der folgenden URL erforderlich:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ss2023/vlg_algo_bg

MODULPRÜFUNG:

Um die Modulprüfung zu bestehen, ist eine erfolgreiche Teilnahme an der Semestralklausur erforderlich, die als Semestralklausur durchgeführt wird.

Nähere Informationen zur Semestralklausur erfolgen auf einem gesonderten Informationsblatt voraussichtlich ab 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*.