

Syllabus Alg. Bioinformatik: Bäume und Graphen (SS2020)

- KW 17:** *Administrativa*; Inhaltsübersicht; Einführung in die physikalische Kartierung, diskrete Modellierung; Definition von PQ-Bäumen, Darstellung von Mengen von Permutationen mittels PQ-Bäumen;
- KW 18:** P-Schablonen zur Konstruktion von PQ-Bäumen, Q-Schablonen zur Konstruktion von PQ-Bäumen, Beispiel; Korrektheitsbeweis
- KW 19:** Bestimmung des relevanten reduzierten Teilbaumes, Laufzeit zur Bestimmung des relevanten reduzierten Teilbaums ist proportional zu dessen Größe, Laufzeit ist proportional zur Anzahl angewandter Schablonen, Zusammenfassung Laufzeitanalyse PQ-Bäume; [Definition von Gene-Clustern, Repräsentation von Gen-Clustern durch annotierte PQ-Bäume und deren Konstruktion, Repräsentation von Gen-Clustern]
- KW 20:** PQR-Bäume, implizite Restriktionen, vollständige Menge von Restriktionen, Elementare Eigenschaften von PQR-Bäumen, Beziehung zwischen PQR-Bäumen und CIP, Orthogonalität
- KW 21:** Konstruktion von PQR-Bäumen, Beispiel, Verwaltung Elter-Information, Kosten pro Transformation, Laufzeitanalyse PQR-Bäume
- KW 22:** Abschließende Laufzeitanalyse PQR-Bäume; Union-Find-Datenstrukturen mit Bäumen, Pfadkompression, Analyse der Pfadkompression; Intervall-Graphen, Modellierungen
- KW 23:** Intervall-Sandwich-Problem, Kerne, Layouts und Erweiterungen, Algorithmus für IS; fixed parameter variation, d -Layouts, Erweiterungen und fundamentale Lemmata (ohne Beweise)
- KW 24:** Intervall-Sandwich-Problem: Erweiterungen und fundamentale Lemmata (Beweise), Kernpaare und modifizierter Algorithmus, Laufzeitanalyse;
- KW 25:** Phylogenetische Bäume: distanzbasierte und merkmalsbasierte Verfahren; Perfekte binäre Phylogenie, Charakterisierung perfekter binärer Phylogenien, Algorithmus zur Erzeugung einer perfekten binären Phylogenie; Allgemeine perfekte Phylogenie, Durchschnittsgraphen von Bäumen
- KW 26:** Chordale Graphen, Baumzerlegung in Cliques, simpliziale Knoten in chordalen Graphen, Äquivalenzsatz chordaler Graphen, Charakterisierung perfekter Phylogenie mittels c -Triangulation, Beispiel, Komplexitäten, weiteres Beispiel, Rekonstruktion bei zwei Zuständen; Metriken und Ultrametrien, Charakterisierung einer Ultrametrik (3-Punkte-Bedingung);
- KW 27:** Definition ultrametrischer Bäume, Anzahl gewurzelter und freier Bäume; Ultrametrische Bäume und Ultrametrien; Algorithmus zur Rekonstruktion eines ultrametrischen Baumes, Optimaler Algorithmus zur Rekonstruktion eines ultrametrischen Baumes, Laufzeitanalyse des Algorithmus zur Rekonstruktion ultrametrischer Bäume; Externe, kompakte und gewöhnliche additive Bäume, wann sind additive Bäume ultrametrisch

- KW 28:** Charakterisierung externer additiver Bäume durch Ultrametrien, Rekonstruktion externer additiver Bäume; Bunemans 4-Punkte Bedingung (ohne Beweis); Charakterisierung kompakter additiver Bäume, Rekonstruktion kompakter additiver Bäume; Minimale Spannbäume, Algorithmus von Prim; Sandwich-Probleme: Definition von Sandwich Problemen Algorithmus für das ultrametrische Sandwich-Problem, Laufzeitanalyse
- KW 29:** Korrektheitsbeweis des Algorithmus für das ultrametrische Sandwich-Problem; Beispiel; Asymmetrie extremer ultrametrische Bäume; Algorithmus für das Approximationsproblem in der Maximumsnorm, weitere Ergebnisse; Splits in Bäumen, kompatible Splits und phylogenetische Bäume
- KW 30:** Schwach kompatible Splits und Splits-Graphen, D -Splits, D -Splits für additives D sind kompatibel, D -Splits sind schwach kompatibel, Isolationsindex, Beispiel, Konstruktion von D -Splits, Konstruktion von Splits-Graphen, Beispiel