
Algorithmen auf Sequenzen

VORLESUNG: (Beginn am Montag, den 23. Oktober)

Montags 10ct–12, Hörsaal B039, Theresienstr. 39

Mittwochs 10ct–12, Hörsaal B039, Theresienstr. 39

ÜBUNG: (Erste Übungsbesprechung am 8. November)

Mittwochs 12st–14, Hörsaal B039, 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-KURS ZUM MODUL:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ws2023/vlg_sequ

moodle.lmu.de/course/view.php?id=29215

ZIELGRUPPE UND VORAUSSETZUNGEN:

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

Der erfolgreiche Besuch der Veranstaltung *Algorithmische Bioinformatik I und 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 zu Suffix-Bäumen und zur Approximierbarkeit) und *[Grundlagen:] Algorithmen und Datenstrukturen* sowie *Formale Sprachen und Komplexität* bzw. *Theoretische Informatik* (insbesondere zur Algorithmik und $\mathcal{NP}$ -Vollständigkeit).

INHALT:

Der Inhalt dieses Moduls ist das Studium grundlegender effizienter Algorithmen für Probleme der Bioinformatik, die mit Sequenzen jeglicher Art zu tun haben. Die folgende Aufzählung soll einen Überblick über die geplanten Themen geben: Maximal Scoring Subsequences, Suffix Trees, Repeats, Range Minimum Queries, Suffix Arrays, FM-Index und Burrows-Wheeler-Transformation, Genome Rearrangements. Eine genauere Inhaltsangabe wird im Laufe des Semesters vorlesungsbegleitend im Moodle-Kurs zur Verfügung gestellt.

— **Bitte wenden!** —

LERNERGEBNISSE:

Die Teilnehmer/innen sind in der Lage, Problemstellungen auf (biologischen) Sequenzen für einen algorithmischen Zugang zu modellieren, die algorithmische Komplexität des zugehörigen Problems einzuordnen, Algorithmen für deren Lösung zu entwerfen und diese im Hinblick auf deren Effektivität und Effizienz zu analysieren.

SKRIPT:

Das vorhandene Skript zum Modul wird im Laufe des Semesters aktualisiert.

VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Die Übungsblätter werden voraussichtlich mittwochs ausgegeben und sind in der Regel in der darauf folgenden Woche **samstags bis 10⁰⁰ Uhr** via Moodle abzugeben. Die Besprechung der Übungsaufgaben erfolgt in der Regel am darauf folgenden Mittwoch. 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 bis **spätestens am Donnerstag, den 26. Oktober** unter der folgenden URL erforderlich:

www.bio.ifi.lmu.de/studium/ws2023/vlg_sequ

Darüber hinaus ist eine weitere Anmeldung unter Moodle erforderlich, der zugehörige Einschreibeschlüssel wird nach der ersten Anmeldung per E-Mail mitgeteilt.

MODULPRÜFUNG:

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

Nähere Informationen zur Semestralklausur erfolgen auf einem gesonderten Informationsblatt voraussichtlich im Dezember.

ALLGEMEINE LITERATUR (in alphabetischer Reihenfolge):

S. Aluru (Ed.): *Handbook of Computational Molecular Biology*, Chapman and Hall/CRC, 2006

G. Fertin, A. Labarre, I. Rusu, E. Tannier, S. Vialette: *Combinatorics of Genome Rearrangements*, MIT Press, 2009.

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

V. Mäkinen, D. Belazzougui, F. Cunial, A.I. Tomescu: *Genome-Scale Algorithm Design — Biological Sequence Analysis in the Era of High-Throughput Sequencing*, Cambridge University Press, 2015

E. Ohlebusch: *Bioinformatics Algorithms*, Oldenbusch Verlag, 2013

sowie *Originalarbeiten*.