
Algorithmische Bioinformatik II

VORLESUNG: (Beginn am Dienstag, den 15. Oktober)

Dienstags 10:15–11:45 Uhr, Hörsaal A027, Theresienstr. 37

Donnerstags 10:15–11:45 Uhr, Hörsaal A027, Theresienstr. 37

ÜBUNGEN: (Erste Übungstermine am Mittwoch, den 23. Oktober)

Mittwochs 14:15–15:45 Uhr, Seminarraum 105, Amalienstr. 17

Mittwochs 16:15–17:45 Uhr, Seminarraum 105, Amalienstr. 17

DOZENT:

Volker Heun

Zimmer: 303, Amalienstr. 17

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

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

Sprechstunde: dienstags 13–14 und donnerstags 13–14 sowie nach Vereinbarung

TUTOREN UND ASSISTENTEN:

Joel Daon

Valérie Marot

Constantin Ammar Web: www.bio.ifl.lmu.de/mitarbeiter/constantin-ammar

Alexander Grün Web: www.bio.ifl.lmu.de/mitarbeiter/alexander-gruen

Michael Kluge Web: www.bio.ifl.lmu.de/mitarbeiter/michael-kluge

WEBSEITE ZUR VORLESUNG:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ws2019/vlg_algo_2/

VORAUSSETZUNGEN:

Diese Vorlesung ist eine Pflichtveranstaltung für Studierende der Bioinformatik im 5. Semester bzw. eine Wahlvorlesung für Studierende der Informatik. Der Zweck dieser Vorlesung ist das Studium grundlegender effizienter Algorithmen für biologische Anwendungen. Der erfolgreiche Besuch der Veranstaltung *Algorithmische Bioinformatik I* ist empfehlenswert, aber keine Voraussetzung.

INHALT:

Der Inhalt dieser Vorlesung ist das Studium grundlegender effizienter Algorithmen für Probleme der Bioinformatik. Die folgende Liste soll einen Überblick über die geplanten Themen geben: *Approximability, Multiple Sequence Alignment, Probabilistic Modeling, Hidden Markov Models*. Eine genauere Inhaltsangabe wird im Laufe des Semesters auf der Vorlesungswebseite zur Verfügung gestellt.

LERNZIELE:

Selbständiges Entwerfen approximativer Algorithmen und deren Analyse (insbesondere für mehrfaches Sequenzen-Alignment) und selbständige probabilistische Modellierung von Problemen der Bioinformatik sowie deren Anwendung.

SKRIPT:

Vorlesungsbegleitend wird das Skript zur Vorlesung aktualisiert.

VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

In der Regel werden die Übungsblätter donnerstags in der Vorlesung ausgegeben und sind in der darauf folgenden Woche entweder donnerstags in der Vorlesung abzugeben oder bis freitags 12⁰⁰ elektronisch über den Upload-Server auf der Vorlesungswebseite hochzuladen. Die Besprechung der Übungsaufgaben erfolgt jeweils in der darauf folgenden Woche. Die Übungsblätter sind auch auf der Vorlesungswebseite erhältlich.

ANMELDUNG ZUM VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Zur Teilnahme am Vorlesungs- und Übungsbetrieb sowie an der Modulprüfung ist aus organisatorischen Gründen eine elektronische Anmeldung bis **spätestens am Dienstag, den 22. Oktober um 12⁰⁰** unter der folgenden URL erforderlich:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ws2019/vlg_algo_2/

MODULPRÜFUNG:

Um die Modulprüfung zu der Vorlesung und den Übungen zu bestehen, ist eine erfolgreiche Teilnahme an der Semestralprüfung erforderlich. Die Semestralprüfung wird als Semestralklausur durchgeführt.

In den Übungen kann ein Notenbonus erworben werden. Hierzu sind die Übungen regelmäßig zu besuchen, sind mindestens 50% der gekennzeichneten Hausaufgabenpunkte zu erreichen und es ist mindestens eine Lösung einer Aufgabe in den Übungen vorzutragen.

Ein erworbener Notenbonus verbessert die erzielte Note einer **bestandenen** Klausur um 0,3, die beste erreichbare Note bleibt allerdings 1,0. Dieser Notenbonus ist nur in der Semestralklausur im Wintersemester 2019/20 und in der Wiederholungsklausur im Sommersemester 2020 zu diesem Modul anwendbar.

Nähere Informationen zur Semestralklausur erfolgen auf einem gesonderten Informationsblatt voraussichtlich Ende November.

ALLGEMEINE LITERATUR (in alphabetischer Reihenfolge):

G. Ausiello, P. Crescenzi, G. Gambosi, V. Kann, A. Marchetti-Spaccamela, M. Potasi: *Complexity and Approximation: Combinatorial Optimization Problems and Their Approximability*, Springer, 1999.

R. Deonier, S. Tavaré, M. Waterman: *Computational Genome Analysis*, Springer, 2005.

R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchinson: *Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids*, Cambridge University Press, 1998.

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

N. Jones, P. Pevzner: *An Introduction to Bioinformatics Algorithms*, MIT Press, 2004.

V. Mäkinen, F. Cunial, D. Belazzougui, A.I. Tomescu: *Genome-Scale Algorithm Design*, Cambridge University Press, 2015.

W.-K. Sung: *Algorithms in Bioinformatics: A Practical Introduction*, CRC Press, 2009.

I. Wegener: *Komplexitätstheorie: Grenzen der Effizienz von Algorithmen*, Springer, 2003.