

---

## Algorithmen auf Sequenzen

---

### LEHRFORM:

Aufgrund der aktuellen Lage bzgl. SARS-CoV-2 wird dieses Modul in digitaler Form durchgeführt. Organisatorische Details werden am ersten Übungstermin besprochen.

### VORLESUNG:

Dienstags 10ct–12, per ScreenCast  
Donnerstags 10ct–12, per ScreenCast

### ÜBUNGEN:

Dienstags 12st–14, per Videokonferenz  
Die erste Übungsbesprechung findet am 3. November statt, die Zugangsdaten werden den Angemeldeten per E-Mail mitgeteilt.

### DOZENT:

Volker Heun  
Zimmer: A303, Amalienstraße 17  
E-Mail: [Volker.Heun@bio.ifl.lmu.de](mailto:Volker.Heun@bio.ifl.lmu.de)  
Web: [www.bio.ifl.lmu.de/~heun/](http://www.bio.ifl.lmu.de/~heun/)  
Sprechstunde: dienstags 14:00–15:00, mittwochs 12:00–13:00 und n.V.

### WEBSEITE UND MOODLE ZUR VORLESUNG:

[www.bio.ifl.lmu.de/studium/ws2020/vlg\\_sequ/](http://www.bio.ifl.lmu.de/studium/ws2020/vlg_sequ/)  
[moodle.lmu.de/course/view.php?id=10591](http://moodle.lmu.de/course/view.php?id=10591)

### ZIELGRUPPE UND VORAUSSETZUNGEN:

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

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 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 auf der Vorlesungswebseite sowie in Moodle zur Verfügung gestellt.

#### LERNERGEBNISSE:

Die Teilnehmer 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 UND SCREENCASTS:

Das vorhandene Skript zur Vorlesung wird im Laufe des Semesters aktualisiert und es werden ScreenCasts auf LMUcast zur Verfügung gestellt.

#### VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Die Übungsblätter gehen spätestens donnerstags online und sind in der Regel in der darauf folgenden Woche spätestens freitags um 9:00 in Moodle abzugeben. Die Besprechung der Übungsaufgaben erfolgt in der Regel am darauf folgenden Dienstag. Die Übungsblätter sind auf der Vorlesungswebseite und in Moodle erhältlich.

#### ANMELDUNG ZUM MODUL BZW. ZUR MODULPRÜFUNG:

Zur Teilnahme am Modul und an der Modulprüfung ist aus organisatorischen Gründen eine elektronische Anmeldung bis **spätestens am 26. Oktober** unter der folgenden URL erforderlich:

[www.bio.ifi.lmu.de/studium/ws2020/vlg\\_sequ/](http://www.bio.ifi.lmu.de/studium/ws2020/vlg_sequ/)

Darüber hinaus ist eine weitere Anmeldung unter Moodle erforderlich.

#### MODULPRÜFUNG:

Um die Modulprüfung zu bestehen, ist eine erfolgreiche Teilnahme an der Semestralprüfung erforderlich, die voraussichtlich als Semestralklausur (in Präsenz) durchgeführt wird.

Die Semestralklausur findet voraussichtlich in den ersten vorlesungsfreien Wochen im Februar statt. Nähere Informationen zur Semestralklausur einschließlich Klausurtermin erfolgen auf einem gesonderten Informationsblatt.

#### 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*.