

---

## Algorithmische Bioinformatik: Bäume und Graphen

---

VORLESUNG: (Beginn am Dienstag, den 16. April)

Dienstags 10<sup>15</sup>–11<sup>45</sup> Uhr, Hörsaal B132, Theresienstr. 39

Donnerstags 10<sup>15</sup>–11<sup>45</sup> Uhr, Hörsaal B132, Theresienstr. 39

ÜBUNGEN: (Erste Übungsbesprechung am 2. Mai)

Donnerstags 12<sup>00</sup>–13<sup>30</sup> Uhr, Hörsaal B132, Theresienstr. 39

DOZENT:

Volker Heun

Zimmer: 303, Amalienstr. 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: nach Vereinbarung

WEBSEITE UND MOODLE ZUM MODUL:

[www.bio.ifl.lmu.de/studium/ss2024/vlg\\_algo\\_bg](http://www.bio.ifl.lmu.de/studium/ss2024/vlg_algo_bg)

[moodle.lmu.de/course/view.php?id=32352](http://moodle.lmu.de/course/view.php?id=32352)

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 Studierenden 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:

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 10<sup>00</sup> 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 Modul bis **spätestens 25. April 2024** unter der folgenden URL erforderlich:

[www.bio.ifi.lmu.de/studium/ss2024/vlg\\_algo\\_bg](http://www.bio.ifi.lmu.de/studium/ss2024/vlg_algo_bg)

Darüber hinaus ist eine weitere Anmeldung unter Moodle erforderlich, der zugehörige Einschreibeschlüssel wird nach der ersten Anmeldung per E-Mail mitgeteilt. Die Anmeldungen werden erst zu Beginn der Vorlesungszeit möglich sein.

#### 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*.