
Algorithmen auf Sequenzen

VORLESUNG:

Dienstags 10oct–12, Hörsaal B047, Theresienstr. 39
Donnerstags 10oct–12, Hörsaal B047, Theresienstr. 39
Die erste Vorlesung findet am Dienstag, den 16. Oktober statt.

ÜBUNGEN:

Mittwochs 12st–14, Hörsaal A107, Amalienstraße 17
Erste Übungsbesprechung ist am 31. Oktober.

DOZENT:

Volker Heun
Zimmer: A303, Amalienstraße 17
E-Mail: Volker.Heun@bio.ifi.lmu.de
Web: www.bio.ifi.lmu.de/~heun/
Sprechstunde: dienstags 14:00–15:00, donnerstags 14:00-15:00 und n.V.

ASSISTENT:

Marie-Sophie Friedl
Zimmer: A306, Amalienstraße 17
E-Mail: sophie.friedl@bio.ifi.lmu.de
Web: www.bio.ifi.lmu.de/mitarbeiter/sophie-friedl

WEBSEITE ZUR VORLESUNG:

www.bio.ifi.lmu.de/studium/ws2018/vlg_sequ/

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 vorlesungsbeigleitend auf der Vorlesungswebseite zur Verfügung gestellt.

LERNZIELE:

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:

Das vorhandene Skript zur Vorlesung wird im Laufe des Semesters aktualisiert.

VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Die Übungsblätter werden donnerstags in der Vorlesung ausgegeben und sind in der Regel in der darauf folgenden Woche donnerstags in der Vorlesung abzugeben. Die Besprechung der Übungsaufgaben erfolgt in der Regel am darauf folgenden Mittwoch. Die Übungsblätter sind auch auf der Vorlesungswebseite erhältlich.

ANMELDUNG ZUM VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Zum Erwerb eines Scheins ist aus organisatorischen Gründen eine elektronische Anmeldung zum Vorlesungs- und Übungsbetrieb bis **spätestens am 24. Oktober** unter der folgenden URL erforderlich:

www.bio.ifi.lmu.de/studium/ws2018/vlg_sequ/

MODULPRÜFUNG:

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

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 **bestanden** Klausur um 0,3, die beste erreichbare Note bleibt allerdings 1,0. Dieser Notenbonus ist nur in der Semestralklausur und in der Wiederholungsklausur zu diesem Modul im WS 18/19 anwendbar.

Die Semestralklausur findet voraussichtlich in der letzten Vorlesungswoche oder in der ersten vorlesungsfreien Woche 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*.