

Syllabus Algorithmische Bioinformatik II (WS22/23)

- 18.10.** *Administrativa, Umfrage*; Inhaltsübersicht;
Wiederholung FSK/Theo: Maschinenmodelle und (erweiterte)
Church-Turing-These; Die Klassen \mathcal{P} und \mathcal{NP} ; Reduktionen
- 20.10.** *Ergebnis Umfrage*;
 \mathcal{NP} -Vollständigkeit; Boolesche Formeln; SAT und Satz von Cook-Levin; Beispiele
 \mathcal{NP} -vollständiger Probleme: CNF-SAT, 3SAT, DHC, DC, PARTITION, IS;
Optimierungsprobleme und zugehörige Entscheidungsprobleme, Maß und
asymptotisches Maß einer optimalen Lösung; Maximale und asymptotische
Approximationsgüten;
- 25.10.** 2-Approximation für MINBINPACKING; Die Klassen \mathcal{NPO} und \mathcal{PO} , \mathcal{APX} ,
 $\mathcal{PO} \subseteq \mathcal{APX} \subseteq \mathcal{NPO}$, $\mathcal{APX} \subsetneq \mathcal{NPO}$ (außer wenn $\mathcal{P} = \mathcal{NP}$)
- 27.10.** Die Klasse \mathcal{PTAS} , $\mathcal{PO} \subseteq \mathcal{PTAS} \subseteq \mathcal{APX}$, $\mathcal{PTAS} \subsetneq \mathcal{APX}$ (außer wenn
 $\mathcal{P} = \mathcal{NP}$); Definition von MINCONSPAT, MINCONSPAT besitzt ein polynomielles
Approximationsschema
- 01.11.** *Allerheiligen*
- 03.11.** Definition von MINCONSPAT, CONSPAT ist \mathcal{NP} -vollständig;
- 08.11.** Chernoff-Schranken, Bestimmung der Approximationsgüte von PTAS_MCP
- 10.11.** Bestimmung der Approximationsgüte von PTAS_MCP (cont.), \mathcal{FPTAS} ist echt
in \mathcal{PTAS} enthalten (außer wenn $\mathcal{P} = \mathcal{NP}$); KNAPSACK, KNAPSACK ist
 \mathcal{NP} -vollständig
- 15.11.** Optimale Lösung für MAXKNAPSACK, MAXKNAPSACK als Beispiel für ein echt
polynomielles Approximationsschema; Übersicht über die Welt in \mathcal{NPO} , wenn
 $\mathcal{P} \neq \mathcal{NP}$
- 17.11.** Approximationserhaltende Reduktionen, Beispiel
 $\text{MAXE3SAT} \leq_{\mathcal{PTAS}} \text{MAXE4SAT}$, Vollständigkeit in \mathcal{NPO} und \mathcal{APX} ,
MAXWSAT ist \mathcal{NPO} -vollständig MAX3SAT ist \mathcal{APX} -vollständig (ohne Beweis),
Beziehung zwischen MAX-SNP und \mathcal{APX}
- 22.11.** Mehrfaches Alignment: Definitionen und Kostenfunktionen, abgeleitete
Kostenfunktionen: Sum-of-Pairs, Fixed-Tree, Center-Star, Consensus, Tree;
Beziehung SP-Distanzmaß und SP-Ähnlichkeitsmaß, Dynamische Programmierung
für MSA
- 24.11.** Dynamische Programmierung für MSA (cont.), Forward-Propagation, relevante
Zellen, Beschleunigung nach Carrillo-Lipman, Heaps, Zeitbedarf von
Carrillo-Lipman
- 29.11.** Alignment-Graph, Extremale Pfade in DAGs, Dijkstra-Variante, Zeitbedarf der
Dijkstra-Variante Divide-and-Conquer-Alignment: D&C-Ansatz, C -optimale
Schnittpunkte, SP-Zusatzkosten; DCA-Alignment: Beispiel
- 01.12.** DCA-Alignment: Beispiel (cont.), Laufzeitanalyse, Heuristiken; Mit Bäumen
konsistente Alignments (Beispiel), Effiziente Konstruktion mit Bäumen
konsistenter Alignments
- 06.12.** Center-String, Center-Star-Methode, 2-Approximation, Laufzeit der
Center-Star-Methode, Randomisierte Varianten der Center-Star-Methode;
- 08.12.** Randomisierte Varianten der Center-Star-Methode (cont.); Konsensus-Fehler,
Steiner-Strings, 2-Approximation für Steiner-Strings, Randomisierte Variante für
Steiner-Strings

- 13.12.** Alignment-Fehler, Konsensus-Alignment, Beziehung Steiner-String zu Konsensus-String und Konsensus-Alignment; Phylogenetische Alignments, geliftete Alignments
- 15.12.** Güte gelifteter optimaler PMSA, Konstruktion optimaler gelifteter Alignments, effiziente 2-Approximation für phylogenetische Alignments, Beispiel
2-Approximation für PMSA
- 20.12.** Verbesserung durch legale Paare, Uniformes Lifting, effizientere geliftete Alignments, durch uniformes Lifting; Polynomielles Approximationsschema für phylogenetische Alignments
- 22.12.** Heuristiken zum mehrfachen Sequenzen-Alignment; Clustering; Datenbanksuche: FASTA, BLAST; Algorithmus von Baeza-Yates und Perleberg
- 12/01** *Weihnachten/Neujahr/Heilige Drei Könige*
- 10.01.** Signifikanz von Alignments: Modell und Random Walks, Wahrscheinlichkeit eines HSP mit hohem Score, Bit-Scores
- 12.01.** Bestimmung von E-Values und P-Values, Multiple Testing; Generierung von Scoring-Matrizen, Generierung von PAM-Matrizen; Generierung von BLOSUM-Matrizen, Beispiel
- 17.01.** Sinnvolle Scoring Matrizen, relative Entropie; Maximum-Likelihood-Schätzer, Einfache Hypothesen-Tests, Likelihood-Ratio-Tests, Beispiel:
Likelihood-Ratio-Test; Lemma von Neyman und Pearson (ohne Beweis)
- 19.01.** Frequentistischer vs. Bayes'scher Ansatz, ML- vs. MAP-Schätzer, Markov-Ketten: Definition und Beispiel Verwendung zur Lösung des CpG-Insel Problems, Fundamentale Eigenschaften von Markov-Ketten: Stationäre Verteilungen
- 24.01.** Fundamentale Eigenschaften von Markov-Ketten: Stationäre Verteilungen (cont.), Irreduzibilität, Übergangszeit, Beispiel Übergangszeit, Markov-Ketten: Aperiodizität, ergodische Markov-Ketten, Konvergenzgeschwindigkeit von Markov-Ketten
- 26.01.** Satz von Perron und Frobenius, Simulation von Verteilungen: Inversion-Method, Rejection-Method, Metropolis-Hastings-Quotient, Detailed Balance Equation, Metropolis-Hastings-Algorithm, Metropolis-Quotient
- 31.01.** Hidden-Markov-Modelle: Definition und Beispiele CpG-Inseln, gezinkter Würfel, Decodierungsproblem, Viterbi-Algorithmus, Posteriori-Decodierung, Vorwärts- und Rückwärtswahrscheinlichkeiten, implementierungstechnische Details; Beispiel;
- 02.02.** *Fragestunde*
- 07.02.** Schätzen von Parametern in HMMs: Zustandfolge bekannt, Schätzen von Parametern in HMMs: Baum-Welch-Algorithmus; Baum-Welch-Algorithmus als EM-Algorithmus
- 09.02.** HMMs für mehrfache Sequenzen-Alignments; HMM für Profile mit Insertionen und Deletionen, Alignment von Zeichenreihen gegen ein Profile HMM, Bestimmung eines MSA mit Hilfe von wahrscheinlichsten Pfaden in Profile-HMMs, Parameterschätzung in Profile-HMMs.
- 23.02.** *Klausur*