
Algorithmen auf Sequenzen

Vorläufiges Informationsblatt zum Modul *(Dieses wird vor Beginn der Vorlesungszeit noch aktualisiert)*

VORLESUNG: (Beginn voraussichtlich am Mittwoch, den 14. Oktober)

Mittwochs 10ct–12, Hörsaal B047, Theresienstr. 39

Freitags 10ct–12, Hörsaal B047, Theresienstr. 39

ÜBUNG: (Erste Übungsbesprechung voraussichtlich am 28. Oktober)

Mittwochs 12st–14, Hörsaal B040, Theresienstr. 39

DOZENT:

Volker Heun

Zimmer: 303, Amalienstr. 17

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

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

Sprechstunde: nach Vereinbarung

WEBSEITE UND MOODLE-KURS ZUM MODUL:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ws2026/vlg_sequ

moodle.lmu.de/course/view.php?id=47237

ZIELGRUPPE, VORAUSSETZUNGEN UND VORBEREITUNGEN:

Dieses Modul ist ein Wahlmodul im Bereich Bioinformatik für Studierende der Bioinformatik (Bachelor oder Master). Master-Studierende anderer Fachrichtungen informieren sich bitte bei ihrer zugehörigen Fachstudienberatung, ob das Modul anerkannt werden kann.

Der erfolgreiche Besuch der Veranstaltung *Algorithmische Bioinformatik I und 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 zu Suffix-Bäumen und zur Approximierbarkeit) und *[Grundlagen:] Algorithmen und Datenstrukturen* sowie *Formale Sprachen und Komplexität* bzw. *Theoretische Informatik* (insbesondere zur Algorithmik und $\mathcal{NP}$ -Vollständigkeit).

INHALT:

Der Inhalt dieses Moduls 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 Moodle zur Verfügung gestellt.

LERNERGEBNISSE:

Die Studierenden 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 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 9⁰⁰ Uhr** via Moodle abzugeben. Die Besprechung der Übungsaufgaben erfolgt in der Regel am darauf folgenden Mittwoch. Die Übungsblätter sind in Moodle erhältlich.

ANMELDUNG ZUM MODUL:

Zur Teilnahme am Modul **und** an der Modulprüfung ist aus organisatorischen Gründen eine elektronische Anmeldung bis **spätestens am Freitag, den 23. Oktober** unter der folgenden URL erforderlich:

www.bio.ifl.lmu.de/studium/ws2026/vlg_sequ

Darüber hinaus ist für die Teilnahme am Modul **und** an der Modulprüfung eine weitere Einschreibung in den Moodle-Kurs bis **spätestens am Montag, den 26. Oktober** erforderlich, der zugehörige Einschreibeschlüssel wird nach der ersten Anmeldung per E-Mail mitgeteilt. Die Anmeldungen werden erst zu Beginn der Vorlesungszeit möglich sein. Für Studierende der Bioinformatik ist eine Anmeldung in LSF **nicht** erforderlich. Master-Studierende anderer Fachrichtungen erkundigen sich für eine **evtl. zusätzlich erforderliche** Anmeldung in LSF bei ihrer Fachstudienberatung bzw. Studiengangskoordination.

MODULPRÜFUNG:

Um die Modulprüfung zu bestehen, ist eine erfolgreiche Teilnahme an der Semestralklausur erforderlich. Zur Teilnahme an der Modulprüfung ist **sowohl** eine Anmeldung zum Modul **als auch** die Einschreibung in den Moodle-Kurs erforderlich. Nähere Informationen zur Semestralklausur erfolgen auf einem gesonderten Informationsblatt voraussichtlich ab Ende November.

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*.