Technische Universität München
Institut für Informatik
Lehrstuhl für Effiziente Algorithmen
Volker Heun

SS 2000
Informationsblatt 1
2. Mai 2000

Algorithmen der Bioinformatik

VORLESUNG:
: Di 8:30–10:00 Uhr, Hörsaal 1402
Mi 8:30–10:00 Uhr, Hörsaal 0601
Beginn am Dienstag, den 2. Mai

ÜBUNGEN:
: Mi 10:15–11:45, S2225

DOZENT:
: Volker Heun, Zimmer S2232
Email: heun@in.tum.de
WWW: http://www14.in.tum.de/~heun/
Sprechstunde: dienstags, 13:00–14:00 Uhr und nach Vereinbarung

ASSISTENT:
: Jens Ernst, Zimmer S2233
Email: ernstj@in.tum.de
WWW: http://www14.in.tum.de/~ernstj/
Sprechstunde: nach Vereinbarung

WWW:
: Seite zur Vorlesung: http://www14.in.tum.de/lehre/2000SS/cb/
Seite zur Übung: http://www14.in.tum.de/lehre/2000SS/cb/uebung/

VORLESUNGS- UND ÜBUNGSBETRIEB:

Diese Vorlesung ist eine vertiefende Vorlesung in der 3. Säule (Theoretische Informatik, Bereich Algorithmen) für Studenten der Informatik im Hauptstudium. Die Vorlesung ist offen für Studenten anderer Studienrichtungen, insbesondere der Biologie und Chemie. Der Zweck dieser Vorlesung ist das Studium grundlegender effizienter Algorithmen für biologische Anwendungen.

Um einen Schein für die Vorlesung zu erhalten, ist eine erfolgreiche Teilnahme an der Semestralprüfung erforderlich. Die Semestralprüfung wird bei geringer Beteiligung als mündliche Prüfung durchgeführt, andernfalls als Klausur. Um zur Semestralprüfung zugelassen zu werden, sind die Übungen regelmäßig zu besuchen und es sind mindestens 40% der Punkte zu den Hausaufgaben zu erreichen.

Die Übungsblätter werden dienstags in der Vorlesung ausgegeben und sind eine Woche später ebenfalls dienstags in der Vorlesung abzugeben.

INHALT:

Die folgende Liste soll einen groben Überblick über die geplanten Themen geben:

Grundlagen: Grundlagen der Biologie und grundlegende Algorithmen zum Suchen in Texten.

Pairwise Sequence Alignment: Ähnlichkeitsmaße auf Zeichenreihen, globales und lokales Sequenz-Alignment sowie deren Erweiterungen.

Multiple Sequence Alignment: Optimierungsfunktionen (sum of pairs, consensus), Suchen in Datenbanken.

Fragment Assembly: Kürzeste gemeinsame Superstrings, Verwendung von Suffix-Bäumen.

Physical Mapping: Consecutive Ones Property, Interval Sandwich Graphs, Double Digest Problem.

Genome Rearrangements: Sortieren von (orientierten) Permutationen durch Reversionen (und Transpositionen).

Protein Structure Prediction: Das HP-Modell und Approximationen für die Proteinfaltung, inverse Proteinfaltung, Protein Threading.

Phylogenetic Trees: Bäume mit additiven Distanzen, ultrametrische Bäume und charakterbasierte Rekonstruktion.

LITERATUR:

Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences, and Genomes;
Michael S. Waterman;
Chapman and Hall, 1995.

Introduction to Computational Molecular Biology;
João Carlos Setubal, João Meidanis;
PWS Publishing Company, 1997.

Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology;
Dan Gusfield;
Cambrideg University Press, 1997.

Introduction to Computational Biology;
Peter Clote, Rolf Backofen;
John Wiley and Sons, erscheint im Laufe des Jahres 2000.

sowie *Originalarbeiten*.