Syllabus Algorithmische Bioinformatik (WS 2001/2002)

17.10. *Administrativa*; Inhaltsübersicht; *Umfrage*

19.10. Grundlagen der Molekularbiologie: Vererbung (Gene, Genom, Chromosom), DNS und RNS (chemische Struktur, Polymerisation, Paarung, Struktur Chromosom, zentrales Dogma (Transkription und Translation), genetischer Code, Aminosäuren, Peptidbindung, Proteine (Aufbau, Strukturen);

24.10. Zeichenketten und Alphabete; Naiver Suchalgorithmus; Knuth-Morris-Pratt: Idee, Ränder und Algorithmus;

26.10. Knuth-Morris-Pratt: Analyse; Border-Tabelle: Konstruktion;

31.10. *Fachschaftsvollversammlung*

02.11. Border-Tabelle: Analyse; Aho-Corasick: Suchmuster-Baum, Algorithmus;

07.11. Aho-Corasick: echte Teilwörter; Boyer-Moore: Idee, zulässige Shifts und Algorithmus; Shift-Tabelle: Konstruktion und Laufzeit;

09.11. Boyer-Moore: Analyse der Laufzeit, Ergänzungen: regular und extended Bad-Character-Rule, Erweiterung nach Galil für Mehrfachvorkommen, worst-case Beispiel nach Cole; Numerische Textsuche;

14.11. Karp-Rabin: Algorithmus und Analyse, Analyse zur Wahl des Modulus;

16.11. Suffix-Bäume: Tries, Suffix-Tries, Naiver Algorithmus, Laufzeitanalyse;

21.11. Suffix-Bäume: Ukkonens Online Algorithmus für Suffix-Tries und Laufzeitanalyse, Suffix-Links, Konstruktion von Suffix-Links, Potentielle Größe von Suffix-Tries; Patricia-Tries, Definition Suffix-Bäume; *zweite Umfrage;*

23.11. Suffix-Bäume: elementare Beziehungen Suffix-Tries zu Suffix-Bäumen, Übertragung von Ukkonens Online Algorithmus von Suffix-Tries auf Suffix-Bäume, aktive und Endknoten, Beziehung Endknoten von T^{i-1} zu aktivem Knoten von T^i, explizite und implizite Knoten, normale, kanonische und offene Referenzen;

28.11. Suffix-Bäume: Ukkonens Algorithmus im Detail, ausführliches Beispiel; *Auswertung zweite Umfrage;*

30.11. Suffix-Bäume: Laufzeitanalyse, Implementationshinweise für Bäume mit stark variierendem Grad; Sequence Alignment: Einführendes Beispiel;

05.12. Sequence Alignment: Edit-Operation, Edit-Distanz, Alignment, Alignment-Distanz, Beziehung Edit- zu Alignment-Distanz;

07.12. Sequence Alignment: Ähnlichkeitsmaße, Beziehung Distanz- zu Ähnlichkeitsmaß; Globales Alignment, Needleman-Wunsch-Algorithmus, Analyse;

12.12. Sequence Alignment: Variante von Hirschberg, Rekursiver Ansatz, Beispiel, Platz- und Laufzeitanalyse;

14.12. Sequence Alignment: semi-globales Alignment, lokales Alignment, Smith-Waterman-Algorithmus; beliebige Gap-Penalties, Waterman-Smith-Beyers-Algorithmus;

19.12. Gap-Penalties: affine, Gotoh-Algorithmus; Hybride Verfahren: One-Against-All; *Vorlesungsumfrage*

21.12. Datenbanksuche: BLAST, FASTA; Generierung von PAM-Matrizen;

09.01. MSA: Mehrfaches Alignment, Distanzmaß, Sum-Of-Pairs; Dynamische Programmierung; Mit Bäumen konsistente Alignments;

11.01. Center-Star-Methode, 2-Approximation, verbesserte und randomisierte Varianten;

16.01. Konsensus-Fehler, Steiner-String, 2-Approximation für Steiner-Strings, randomisierte Methoden; Alignment-Fehler, Konsensus-Alignment;

18.01. Beziehung Steiner-String zu Konsensus-String; Phylogenetische Alignments, Konstruktion geliftteter Alignments;

23.01. 2-Approximation für phylogenetische Alignments; Fragment Assembly

25.01. Shotgun Sequencing; Overlap-Detection, fehlerbehaftet mit semi-globalen Alignments, fehlerfrei mit Suffix-Bäumen, Fragment Layout mit Greedy-Algorithmus, Konsensus des Layouts;

30.01. Kürzester Superstring, Präfix-Graphen, Hamiltonscher Pfad bzw. Kreise im Präfix-Graphen; Cycle Cover des Präfix-Graphen;

01.02. Overlap-Graphen, Matchings in Overlap-Graphen, Beziehung minimale Cycle Covers in Präfix-Graphen und gewichtsmaximale Matchings in Overlap-Graphen; Greedy-Algorithmus für Matchings in Graphen; Monge-Ungleichung im Overlap-Graphen.

06.02. Optimalität des Greedy-Algorithmus für gewichtsmaximale Matchings in Overlap-Graphen; GGT-Theorem, 4-Approximation für SSP.

08.02. Zusammenfassung 4-Approximation, Anmerkungen zu Lösung mit Fehlern, Beispiel;