Syllabus Algorithmische Bioinformatik (SS 2002)

16.4. *Administrativa*;
Inhaltsübersicht;
Umfrage

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

23.4. Physical Mapping: Biotechnologischer Hintergrund, Modellierung mittels Permutationen, Modellierung mittels 0-1-Matrizen, Consecutive Ones Property, Definition PQ-Bäume;

26.4. Definition äquivalenter PQ-Bäume, Beziehung zu Permutationen, Konstruktion eines PQ-Baumes zu einer gegebenen Restriktion;

30.4. *Fachschaftsvollversammlung*

03.5. PQ-Bäume: Beispiel, Korrektheit, Implementierungshinweise;

07.5. Laufzeit zur Konstruktion von PQ-Bäumen: Erläuterung, Bestimmung stark reduzierter Teilbaum $T_{rr}(T, F)$, Laufzeit proportional zur Anzahl angewendeter Schablonen, Abzählen Schablonenanwendungen;

10.5. Laufzeit zur Konstruktion von PQ-Bäumen: Anzahl Schablonen Q_2'' und P_5, erfolgloser Fall; Intervall-Graphen: Definition, Eigenschaften, Bezug zu Physical Mapping, Modellierung;

14.5. Modellierung; Intervall Sandwich Problem: Algorithmus für allgemeines Problem;

17.5. Intervall Sandwich Problem: Algorithmus für parametrisiertes Problem;

21.5. *Pfingstferien;*

24.5. Intervall Sandwich Problem: Laufzeit; Evolutionäre und phylogenetische Bäume; Ultrametriken;

28.5. Äquivalenz Ultrametrik Dreipunkt-Bedingung, ultrametrische Bäume und Matrizen, Erkennen ultrametrischen Matrizen, Konstruktion ultrametrischer Bäume;

31.5. Laufzeitbestimmung zur Konstruktion ultrametrischer Bäume; Additive Matrizen und Bäume; Erkennung additiver Matrizen und additiver Bäume; Konstruktion ultrametrischer aus additiver Matrix;

04.6. Vollständige Reduktion zur Erkennung ultrametrischer Matrizen auf ultrametrische Matrizen, 4-Punkte-Bedingung von Buneman

07.6. Erkennung kompakter additiver Matrizen; Charakterisierung durch minimale Spannbäume minimalen Spannbaum

11.6. Perfekte Phylogenie, Charakterisierung von binären Charakter-Matrizen, die eine perfekte Phylogenie besitzen, Algorithmus zur Erzeugung perfekter Phylogenien, Reduktion auf ultrametrische Matrizen.

14.6. Additive/Ultrametrische Sandwich Problems, Wenn es eine Lösung gibt, so gibt es einen niedrigen ultrametrischen Baum als Lösung;

18.6. Rekursives Konstruktion für das ultrametrische Sandwich Problem, Laufzeitanalyse des simplen Algorithmus, Beispiel;

21.6. Äquivalenz der Existenz niedriger ultrametrischer Bäume für das ultrametrische Sandwichproblem und paarweiser Separabilität, Ausnutzen der cut-weights, Korrektheit des effizienten Algorithmus.
Vorlesungsumfrage;

25.6. *Interludium:* DNA-Microarrays, Gene Expression und Clustering;

28.6. Implementationsdetails: Kruskals Algorithmus für minimale Spannbäume und Union-Find-Algorithmen, Kartesische Bäume, Berechnung der cut-weights mit Hilfe von lca-Algorithmen, weiteres Beispiel, Amortisierte Komplexität der einfachen Union-Find-Implementierung

02.7. Reduzierung des lca-Problems auf Range Minimum Queries mithilfe der Euler-Tour, Ergebnisse für additive/ultrametrische Approximationsalgorithmen bzgl. der p-Norm ($p \in [1, \infty)]$); Markov-Ketten: Definition und Beispiel, Verwendung zur Lösung des CpG-Insel Problems

05.7. Hidden-Markov-Modelle: Definition und Beispiele CpG-Inseln, gezinkter Würfel, Decodierungsproblem, Viterbi-Algorithmus.

09.7. A posteriori Decodierung, Vorwärts- und Rückwärtswahrscheinlichkeiten, Vorwärts- und Rückwärtsalgorithmen, log-Likelihoods, Schätzen von Parametern in HMM.

12.7. Mehrfaches Sequenzen Alignment und Hidden Markov Modelle, 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.

16.7. *Semestralklausur*