

# Syllabus Algorithmische Bioinformatik II (WS16/17)

---

- 18.10.** *Administrativa, Umfrage*; Inhaltsübersicht;  
Wiederholung Info IV: Maschinenmodelle und (erweiterte) Church-Turing-These;  
Die Klassen  $\mathcal{P}$  und  $\mathcal{NP}$ ; Reduktionen  $\mathcal{NP}$ -Vollständigkeit;
- 20.10.** *Ergebnis Umfrage*; 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
- 25.10.** Maximale und asymptotische Approximationsgüten; 2-Approximation für MINBINPACKING; Die Klassen  $\mathcal{NPO}$  und  $\mathcal{PO}$ ,  $\mathcal{APX}$ ,  $\mathcal{PO} \subseteq \mathcal{APX} \subseteq \mathcal{NPO}$
- 27.10.**  $\mathcal{APX} \subsetneq \mathcal{NPO}$  (außer wenn  $\mathcal{P} = \mathcal{NP}$ ), 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, CONSPAT ist  $\mathcal{NP}$ -vollständig.
- 01.11.** *Allerheiligen*
- 03.11.** CONSPAT ist  $\mathcal{NP}$ -vollständig (cont.); MINCONSPAT besitzt ein polynomielles Approximationsschema
- 08.11.** MINCONSPAT besitzt ein polynomielles Approximationsschema (cont.), 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 ist  $\mathcal{NP}$ -hart, Optimale Lösung für MAXKNAPSACK.
- 15.11.** MAXKNAPSACK als Beispiel für ein echt polynomielles Approximationsschema; Übersicht über die Welt in  $\mathcal{NPO}$ , wenn  $\mathcal{P} \neq \mathcal{NP}$ ; Approximationserhaltende Reduktionen
- 17.11.** Beispiel  $\text{MAXE3SAT} \leq_{\mathcal{PTAS}} \text{MAXE4SAT}$ , Vollständigkeit in  $\mathcal{NPO}$  und  $\mathcal{APX}$ ; randomisierte Verifizierer, PCP-Theorem; 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, Beschleunigung nach Carillo-Lipman
- 24.11.** Beschleunigung nach Carillo-Lipman (cont.), Zeitbedarf von Carillo-Lipman; Alignment-Graph, Extremale Pfade in DAGs, Dijkstra-Variante, Zeitbedarf der Dijkstra-Variante
- 29.11.** Divide-and-Conquer-Alignment: D&C-Ansatz,  $C$ -optimale Schnittpunkte, SP-Zusatzkosten; DCA-Alignment: Beispiel, Laufzeitanalyse, Heuristiken, Mit Bäumen konsistente Alignments (Beispiel), Effiziente Konstruktion mit Bäumen effizienter Alignments
- 01.12.** Center-Star-Methode, 2-Approximation, Laufzeit der Center-Star-Methode, Randomisierte Varianten der Center-Star-Methode
- 06.12.** Randomisierte Varianten der Center-Star-Methode (cont.); Konsensus-Fehler, Steiner-Strings, 2-Approximation für Steiner-Strings, Randomisierte Variante für Steiner-Strings
- 08.12.** Randomisierte Variante für Steiner-Strings (cont.); Alignment-Fehler, Konsensus-Alignment, Beziehung Steiner-String zu Konsensus-String und Konsensus-Alignment, Beziehung Steiner-String zu Konsensus-String und Konsensus-Alignment;

- 13.12.** Phylogenetische Alignments, geliftete Alignments, Güte gelifteter optimaler phylogenetischer Alignments Konstruktion optimaler gelifteter Alignments, Effiziente 2-Approximation für phylogenetische Alignments
- 15.12.** Beispiel 2-Approximation für PMSA, Verbesserung durch legale Paare, Uniformes Lifting, effizientere geliftete Alignments durch uniformes Lifting
- 20.12.** Effizientere geliftete Alignments durch uniformes Lifting (cont.); Polynomielles Approximationsschema für phylogenetische Alignments; Heuristiken zum mehrfachen Sequenzen-Alignment; Clustering;
- 22.12.** Clustering (cont.); Heuristiken zum mehrfachen Sequenzen-Alignment; Datenbanksuche: FASTA, BLAST; Algorithmus 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
- 12.01.** Wahrscheinlichkeit eines HSP mit hohem Score (cont.), Bit-Scores, Bestimmung von E-Values und P-Values, Multiple Testing; Generierung von Scoring-Matrizen, Generierung von PAM-Matrizen
- 17.01.** Generierung von PAM-Matrizen (cont.), Generierung von BLOSUM-Matrizen, Beispiel
- 19.01.** Sinnvolle Scoring Matrizen, relative Entropie; Maximum-Likelihood-Schätzer, Einfache Hypothesen-Tests, Likelihood-Ratio-Tests, Beispiel: Likelihood-Ratio-Test, Lemma von Neyman und Pearson
- 24.01.** 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
- 26.01.** Fundamentale Eigenschaften von Markov-Ketten: Stationäre Verteilungen (cont.), Irreduzibilität, Übergangszeit, Beispiel Übergangszeit, Markov-Ketten: Aperiodizität, ergodische Markov-Ketten, Konvergenzgeschwindigkeit von Markov-Ketten
- 31.01.** Konvergenzgeschwindigkeit von Markov-Ketten (cont.), Satz von Perron und Frobenius; Simulation von Verteilungen: Inversion-Method, Rejection-Method, Metropolis-Hastings-Quotient, Detailed Balance Equation, Metropolis-Hastings-Algorithm
- 02.02.** Detailed Balance Equation (cont.), Metropolis-Quotient; Hidden-Markov-Modelle: Definition und Beispiele CpG-Inseln, gezinkter Würfel, Decodierungsproblem, Viterbi-Algorithmus, Posteriori-Decodierung, Vorwärts- und Rückwärtswahrscheinlichkeiten
- 07.02.** Vorwärts- und Rückwärtswahrscheinlichkeiten (cont.), implementierungstechnische Details; Schätzen von Parametern in HMMs: Zustandfolge bekannt, Schätzen von Parametern in HMMs: Baum-Welch-Algorithmus; HMMs für mehrfache Sequenzen-Alignments
- 09.02.** 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.

*Fragestunde*

**16.02.** *Klausur*