

## Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Exakter Mustervergleich <i>Exact String Matching</i>	4
3	Suffixbäume	15
4	Paarweises Alignment	22
5	Multiples Alignment	25

## 1 Einleitung

### 1.1 Inhalt der Vorlesung

befaßt sich mit Algorithmen der **molekularen** Bioinformatik.

Teil I

algorithmische, deterministische Ansätze

- exakter Stringvergleich
  - langer String = Text
  - kurzer String = Muster
  - kommt Muster im Text vor und wenn ja wo?
- Alignments
  - interessieren uns nicht für exaktes Vorkommen, sondern Ähnlichkeit zwischen zwei Strings oder approximatives Vorkommen eines Musters in einem (oder auch mehreren) Text

## Literatur

- [1] Dan Gusfield. *Algorithms on Strings, Trees and Sequences: Computer Science and Computational Biology*. Cambridge University Press, Cambridge, 1997.
- [2] Joao Setubal and Joao Meidanis. *Introduction to Computational Molecular Biology*. PWS Publishing, Boston, Mass., 1997.
- [3] Stefan Kurtz. Foundations of sequence analysis. University of Bielefeld, July 2001. Lecture notes for a course in the Winter Semester 2000/2001.
- [4] Michael S. Waterman. *Introduction to Computational Biology: Maps, Sequences and Genomes*. Chapman & Hall, London, 1995.
- [5] Hans-Joachim Böckenhauer and Dirk Bongartz. *Algorithmische Grundlagen der Bioinformatik*. Teubner, 2003.

Teil II

behandelt statistische Ansätze, z.B. statistische Modellierung, Parameterschätzen, Tests, HMMs

1. Gene-finding
2. alignment (revisited)
3. transcriptomics: Microarrays
4. ...