

## EINLADUNG

- Zeit: Do. 13. April 2006 um 11.00 Uhr
- Ort: Seminarraum Informatik 1, Raum 4017
- Referent: Dipl.-Informatiker Dirk Bongartz
- Thema: Algorithmische Aspekte einiger kombinatorischer Probleme aus der Bioinformatik

### Zusammenfassung

Die Bioinformatik beschäftigt sich vor allem mit der Strukturierung, Modellierung, Analyse und Vorhersage von biologischen Prozessen und Daten.

Wir betrachten hier exemplarisch Modelle und kombinatorische Fragestellungen im Kontext der Vorhersage von Proteinstrukturen. Hierzu wurde das sogenannte HP-Modell vorgeschlagen, das einerseits den Raum diskretisiert, in dem das Protein gefaltet werden soll, und das sich andererseits bei der Betrachtung der Bausteine des Proteinmoleküls auf eine spezielle chemische Eigenschaft beschränkt.

Wir schlagen zwei Erweiterungen dieses populären HP-Modells für die Proteinstrukturvorhersage vor, die dessen Anwendbarkeit wesentlich verbessern. Insbesondere beseitigen wir die Bipartitheit des zugrundeliegenden Gitters, welches zur Diskretisierung des Raumes im ursprünglichen HP-Modell dient. Für die sich aus diesen Modellen ergebenden Optimierungsprobleme entwerfen und analysieren wir Approximationsalgorithmen. Insbesondere erzielen wir Approximationsgüten von  $\frac{26}{15}$  bzw.  $\frac{8}{5}$  für den zwei- bzw. dreidimensionalen Fall, welches die besten bislang erreichten Approximationsgüten für HP-ähnliche Modelle sind.

Außerdem werden wir kurz einige Fragestellungen im Kontext der Protein-Synthese und der Bestimmung von genetischen Distanzen ansprechen.

Es laden ein: Die Dozenten der Informatik