

Index

Symbole

3D-1D-Profil 418
 3D-Coffee 239
 3DCOMB 408
 7TM-Interface 457
 $(\beta\alpha)_8$ -Fass 18
 BLOCKS_9 326
 k -tupel 204
 ROC_n -Kurve 225
 α -Helix-Bündel 448
 β -Fass 448

A

Abstand 159
 accession number 48
 AdaBoost 92
 Adenin 4
 Ähnlichkeit, semantische 42
 affine Kostenfunktion 169, 316
 agrep 175
 Aktivator 502
 Alanin 14
 Algorithmus
 – AdaBoost 92, 93
 – agglomeratives Clustern 108
 – Backpropagation 121, 122, 339
 – Baum-Welch 298
 – Bootstrapping 276
 – Boyer-Moore 154
 – ClusCor 512
 – ClustalW 233
 – codon-usage-Kontrast 37
 – Dotplot 149
 – expectation maximisation 271
 – FRpred 245
 – funSim 43
 – genetischer 131, 135
 – Gibbs-Sampler 307
 – k -Means Clusterverfahren 106

– Kreuzvalidierung 98
 – Levensthein-Distanz 165
 – Linkage Verfahren 259
 – lowess 493
 – MAP 322
 – Markov-Ketten Monte-Carlo 277
 – Metropolis 306, 396
 – Metropolis-Hastings 305
 – mirror-tree 529
 – Nearest Neighbor Interchange 273
 – Needleman-Wunsch 154, 292
 – Neighbour-Joining 234, 261
 – Perzeptron 342
 – Perzeptron (duale Form) 344
 – PrePPI 538
 – Quartett-Puzzle 271
 – Random Forests 552
 – randomisierter 132
 – ROC-Kurve 95
 – Rückwärts-Algorithmus 294
 – SEG 182
 – selbstorganisierende Karte 127
 – Signatur 503
 – Sim 45
 – Simulated-Annealing 397
 – Smith-Waterman 154, 206
 – tol-mirror-tree 531
 – UPGMA 261
 – Viterbi 318
 – Viterbi-Pfad 292
 – Viterbi-Training 299
 – Vorwärts-Algorithmus 294
 – Wu-Manger 241
 AlignMe 450
 Alignment 151, 334
 – Erwartungswert 191
 – globales 154, 236
 – lokales 154, 236

- Statistik 212
 - Traceback 165
 - Allel 133
 - Alphabet 32
 - DNA 34
 - Protein 33, 36
 - alternatives Spleißen 490
 - Alternativhypothese 189, 285
 - Amidohydrolase 546
 - AmiGO 40
 - Aminogruppe 12
 - Aminosäure 11
 - Dreibuchstabencode 33
 - Eigenschaften 11
 - Einbuchstabencode 33
 - hydrophile 12
 - hydrophobe 12
 - Rest 11, 86
 - Rotamer 14, 428
 - Venn-Diagramm 13
 - angereicherter Random-Forest 555
 - Anker 409
 - Annotation 27, 462
 - Qualität 478
 - ANOVA 496
 - Ansatz
 - deduktiver 424
 - induktiver 424
 - Apo-Struktur 415
 - Approximation 79, 180
 - universelle 119
 - Wahrscheinlichkeitsdichte 324
 - Arabidopsis thaliana* 59, 507, 508
 - Archaeen (Archaea) 26, 277
 - Architektur von NN 113
 - argmax-Funktion 89
 - ARRAYEXPRESS 489
 - Art 251
 - Assemblieren 468
 - Atlas of Protein Sequence and Structure 545
 - Atom-Atom-Interaktion 425
 - Atteson, Satz von 262
 - Attribut 348
 - Aufzählmethode 132
 - AUGUSTUS 301
 - Ausdruck, regulärer 174
 - average linkage 511
- B**
- Bacillus subtilis* 8
 - backbone 13
 - Backpropagation-Algorithmus 339
 - Bakterien (Bacteria) 253
 - gramnegatives 26, 308, 449
 - grampositives 26
 - balanced training 371
 - Baryzentrum 437
 - Basecalling 467
 - Basenpaarung 4
 - kanonische 374
 - Basis orthogonaler Einheitsvektoren 500
 - Baum 40
 - binärer 234
 - des Lebens 277
 - gerichteter 253
 - Likelihood 268
 - Parsimony 265
 - Präfix 265
 - tol-mirror-tree 531
 - ultrametrischer 256
 - Baum-Welch Algorithmus 298, 452
 - Bayes 73
 - a posteriori Wahrscheinlichkeit 88
 - Entscheidungstheorie 85, 304
 - Klassifikator 532
 - Likelihood 266
 - Likelihood-Funktion 80
 - naiver Bayesscher Klassifikator 89, 245, 535
 - Satz von Bayes 73, 87
 - Bayessche Entscheidungstheorie 85
 - Bayessche Formel 88
 - bedingte Wahrscheinlichkeit 73
 - Beijing Genomics Institute 545
 - Beobachtung, unabhängige 221
 - Bibliothek, erweiterte 236
 - Biclusterverfahren 502
 - binäre Klassifikation 548
 - Bindemotiv 586
 - Bindestelle 10, 281
 - Nukleosom 281
 - Binomialverteilung 70
 - Biokurator 545
 - Bionik 585
 - BLAST 153, 209, 336
 - Ausgabe 216
 - BLASTX 483
 - DELTA-BLAST 225
 - Empfindlichkeit 217
 - Erwartungswert 213
 - Erweiterung mit Lücken 210
 - E-Wert 213
 - High-Scoring Segment-Pair 209
 - PSI-BLAST 219
 - w-mer 210

- BLASTX 483
BLOCKS-Datenbank 175, 326
BLOSUM-Matrix 195
BOCTOPUS 456
Boltzmann
– Gesetz 424
– Wahrscheinlichkeitsdichte 396
BOMP 457
Bonferroni-Holm-Verfahren 556
Bonferroni-Korrektur 509
Boolesche Funktion 116
– EXOR 118
– NICHT 116
– UND 116
Boosting 91, 535
Bootstrapping 554
Bos taurus 461
Brookhaven National Laboratory 50
burn-in period 306
- C**
Caenorhabditis elegans 462
CAP
– Protein 372
– Sequenz 33
Carboxylgruppe 12
CART-Verfahren 548
CASP-Wettbewerb 413
Cauchy-Schwarz Ungleichung 350
CDD 407
cDNA 488
centroid 437
CG Dinukleotid 281
Chancenquotient 37, 189
Chapman-Kolomogorov Gleichung 303
CHARMM-Kraftfeld 433
chemical shift 559
Chi-Quadrat-Test 515
Chou-Fasman Verfahren 367
Chromatin 571
Chromosom 4, 464, 570
Chymotrypsin 434
circadianischer Rhythmus 58
CLESUM 403
Clostridium tetani 461, 477
Cloud 546
ClusCor 512
Clustal 232
– ClustalW 233
– Omega 241
Clusterverfahren 101
– agglomeratives 108
– complete-linkage 109
– Genexpressionsdaten 498
– hierarchisches 108
– iteratives 104
– *k*-Means 105
– netzwerkbasiertes 566
– selbstorganisierende Karte 126
– single-linkage 109
c-myc 580
Code, genetischer 5
Codierung
– binäre 139
– Gray-Code 139
– orthogonale 125
codogener Strang 9
Codon 6, 8
– bevorzugtes 287
– codon usage bias 8
– Häufigkeit 8
– Sinncodon 37
– Startcodon 6
– Stoppcodon 6
– synonymes 8
– usage 8
codon-usage-Kontrast 37
COG-Kategorie 56
COMPASS 336
ConQuass 444
Conserved Domain Database 215, 407
Constraint 237, 433
Contig 468
– Anzahl 465
core 408
coverage 466
CpG-Insel 282
– Lokalisation mittels HMM 294
– Trainingsmenge 285
CPU 587
Crossing-over 133
– ungleiches 169
C-Terminus 12
CVE-Plot 223
Cy3, Cy5 488
Cytosin 4
– Methylierung 281
- D**
DAG 41, 54
DALI 398
DaliLite 400
Darwin, Theorie 253
Daten, nominale 547
Datenbank 47
– 3D-Struktur 50

- accession number 48
- ARRAYEXPRESS 489
- AtPID 59
- BALiBASE 238
- BLOCKS 175, 195, 326
- BRENDA 58
- COG 56
- Conserved Domain Database 215, 407
- DIP 538
- eggNOG 56
- ENCODE 576
- entry 47
- European Nucleotide Archive 48
- flat file 47
- FSSP 404
- Genomdatenbank 49
- Genome Reviews 479
- GEO 489
- GOLD 49, 241
- GQuery 48
- HomFam 242
- HOMSTRAD 240
- Interpro 59
- KEGG 58
- MikroRNA 49
- MIPS 59
- ModBase 539
- NONCODE 49
- Nucleic Acid Database 51
- Nukleotid-Sequenz 48
- OMP 456
- PDB 50
- PDBSum 59
- Pfam 55, 229, 317
- PISA 539
- PQS 539
- PrePPI 541
- ProDom 59
- PROSITE 175
- PubMed 59, 513
- Querverweis 47
- RefSeq 49
- Rfam 49, 477
- SCOP 53, 218, 313
- SCOP2 54
- SFLD 566
- SGD 59
- SILVA 481
- SkyBase 539
- SMART 51
- STRING 52, 523
- SWISS-PROT 49
- TRANSFAC 58, 173
- TrEMBL 50
- UniProt 48
- Datenreduktion 492
- Datensatz
 - linear separabler 341
 - unausgeglichener 554
- de-Bruijn-Graph 473
- deduktiver Ansatz 424
- DeepAlign 402
- Degeneriertheit des genetischen Codes 8
- Dekodieren 296
- Deletion 316
- DELTA-BLAST 225
- Dendrogramm 108
- de-novo*-Strukturvorhersage 438
- Desoxyribose 4
- Dialign-T 240
- Diederwinkel 428
- differentiell exprimiertes Gen 491
- Dinukleotid 179
 - CG 281
 - Häufigkeit 281
- Dirichlet
 - Dichte 324
 - Gemisch 325
 - Mixtur 322
- diskrete zufällige Variable 74
- Diskriminantenfunktion 93
- Diskriminator, linearer 341
- Distanz 158
 - semimetrische 497
- DNA 3
 - cDNA 488
 - Chip-Datensatz 340
 - Chip-Technologie 487
 - Doppelhelix 4
 - Enhancer 10
 - GC-Gehalt 7
 - Hybridisierung 488
 - Hypersensitivität 579
 - komplementäre 5
 - komplementärer Strang 487
 - Methylierung 579
 - Operon 10
 - Reparatur 8
 - Schmelzen 487
 - Score 200
 - Sequenz 33
 - sequenzspezifische Bindung 487
 - Tiling Array 578
 - Übergangswahrscheinlichkeit 266
 - Wasserstoffbrückenbindung 7
- DNA-Expressionswert, Normierung 491

- DNS 4
 Docking-Verfahren 529
 Domäne
 – GuKc 20
 – PDZ 20
 – SH3 20
 – Zink-Finger 174
 DOPE 436
 Doppelhelix 4
 Dotplot 147
 – Laufzeit 149
 – Vergleich von Genomen 152
 Dotter 151
Drosophila melanogaster 462
 Dualität 158
 dynamisches Programmieren 156, 234, 323
 – doppeltes 394
- E**
- EBI 48
 EC-Nummer 38
 Editieraufwand 163
 Eigenschaft, informative 555
 Eigenvektor 501
 Eigenwert 501
 Ein-Farben-Microarray 488
 Eingabesequenz 154
 Einzelbasenaustausch 579
 Elastase 434
 Emissionsalphabet 290
 Emissionswahrscheinlichkeit 290, 315, 321
 Empfindlichkeit
 – BLAST 217
 – FASTA 217
 – Konsensus-Verfahren 224
 – Profil-Verfahren 224
 – Sequenzvergleichsmethode 222
 empirisches Risiko 360
 ENCODE 461, 576
 Enhancer 502
 Entropie 198
 – Matrix-Entropie 198
 – relative 198, 244
 – Shannonsche 244
 – Transinformation 244
 Entropiemaximierung 562
 Entscheidungsbaum 547
 Entscheidungsfunktion 341
 Environment 394, 416
 Enzym 23
 Enzyme Commission 38
 Epigenese 281
 Erregungsschwelle 115
 Erwartungswert 75, 207, 213
 – log-likelihood-Verhältnis 198
 erweiterter Zustandsgraph 291
Escherichia coli 8, 464, 521, 526
 Eselspinguin 585
 Euchromatin 572
Eukarya) 26
 EULER 473
 Eulerkreis 473
 European Bioinformatics Institute 48
 European Nucleotide Archive 48
 Evolutionstheorie 253
 E-Wert 207, 213
 exakter Test nach Fischer 515
 Exon 300
 expectation maximisation 299
 – Algorithmus 271
 Exponentialverteilung 78
 Extremwertverteilung 213
- F**
- false discovery rate 541
 Farbstoffwechsel-Experiment 494
 FASTA 204
 – Empfindlichkeit 217
 – Erwartungswert 207
 – initiale Region 206
 – initn 206
 – *k*-tupel 204
 FASTA-Format 34
 FDR 541
 feature table 48
 feed-forward Netz 339
 Fehlannotation 478
 Fehler
 – erster Art 82
 – zweiter Art 82
 Fehlerfortpflanzung, transitive 477, 545
 Fehlerquadrat, mittleres 102, 500
 Fehlerrate 109
 Fermi-Funktion 116
 FILM 457
 Filter, low-complexity 450
 finite Markov-Kette 282
 FINSI 240
 Fisher-Kernel 354
 Fitnessfunktion 131
 Fixpunkt 507
 Fluoreszenzfarbstoff 488
 FN 357
 Force 566
 Format, FASTA 34
 FP 357

- FPR 95
- Fragmentinsertion 439
- frameshift 480
- freies Modellieren 413
- FRpred 245
- frühzeitiges Abbrechen 203
- FSSP-Datenbank 404
- FUGUE 241
- Funktion
 - argmax 89
 - Fermi-Funktion 116
 - Fitnessfunktion 131
 - Gauß-Funktion 127
 - Kandidaten-erzeugende 306
 - Kapazität 360
 - Kernel 349
 - konjugierte 575
 - logistic function 116
- Funktionszuweisung 209

- G**
- G2D 514
- ganzzahlige Optimierung 386
- GATA-Zink-Finger 174
- Gauß-Kernel 352, 431
- GC-Gehalt 7
- Gedächtnislosigkeit 79
- Gen 6
 - differentiell exprimiertes 491
 - *hsp70* 482
 - *mutY* 8
 - Nachbarschaft 524
 - Produkt 31
 - *recA* 482
 - stark exprimiertes 37
 - *tetR* 478
- GenBank 48
- gene silencing 572
- Generalisieren 97, 126
- Generalisierungstheorie 360
- genetischer Algorithmus 131, 380
 - Einfügeoperator 140
 - Reproduktion 138
 - Schema 136
 - Schematheorem 136
- genetischer Code 5
 - bevorzugte Codonen 8
 - Codon 6
 - Degeneriertheit 8
- genetisches Programmieren 139
- Genexpressionsdaten 487
 - Auswertung 490
 - Clusteralgorithmus 496
 - Replikat 495
 - Sonde 488
 - Target 488
- Genexpressions-Profilung 509
- Genfolge 524
- Genfusion 53, 479, 522
- GENMARK 287
- Genom 26
 - Annotation 476
 - Referenz 473
 - Vergleich 152
- Genome
 - Browser 462
 - Reviews 479
- Genomik 27, 461
- genomischer Kontext 479, 566
- Genomprojekt 461
 - Megagenom 482
- Genotyp 26, 133
- Genprodukt 31
- Gentransfer, horizontaler 462
- Genus 251
- Genvorhersage 286, 476
- GEO 489
- geometrische Verteilung 71
- Gesamtkosten 158
- Gibbs-Sampler 307
- Glimmer 8
- GLIMMER3 479
- globale Normalisierung 492
- globaler Parameter 369
- globales
 - Minimum 396
 - Optimum 346, 395
 - Sequenzalignment 167
- Glycin 14, 181
- GOEAST 515
- Gold Standard 533
- GO-Ontologie 40
- GO-Term 40
 - semantische Ähnlichkeit 41
- GQuery 48
- Gradientenabstieg 122, 307
- Gramfärbung 26
- Grammatik, kontextfreie 477
- Gram-Matrix 345
- gramnegatives Bakterium 308, 449
- grampositives Bakterium 26
- Graph
 - azyklischer 41
 - de Bruijn 473
- Gray-Code 139
- Greedy-Algorithmus 262

- Grid-Suche 359
- Guanin 4
- guide tree 234
- GuKc-Domäne 20
- Gumbel-Verteilung 214
- GxxxG-Motiv 448

- H**
- Haemophilus influenzae* 461
- Häufigkeit 67
 - Dinukleotid 281
- halboffenes Intervall 120
- Hamming-Distanz 159
- hard Margin 345
- Hash-Verfahren 205
- Hauptkomponentenanalyse 500
- heat map 510
- Hebbsche Hypothese 113
- Helix 17
 - re-entrant 458
- Heterochromatin 571
- HGT 530
- HHblits 337
- HHsearch 330
 - Strukturvorhersage 337
- hidden layer 114
- Hidden-Markov-Kette 288
 - Alignment 331
 - Viterbi-Variable 292
- Hidden-Markov-Modell 281, 288
 - Alignment zweier HMMs 331
 - Baum-Welch-Algorithmus 299
 - Definition 290
 - Deletion 316
 - Emissionswahrscheinlichkeit 290
 - Entwurf 299
 - Erkennen von CpG-Inseln 294
 - erweiterter Zustandsgraph 291
 - Grenzen 301
 - Insertion 315
 - Längenmodellierung 300
 - Profil-HMM 313
 - Struktur 314
 - Verwendung 301
 - Viterbi-Pfad 292
 - wahrscheinlichster Pfad 292
- hierarchisches Clusterverfahren 108
 - complete-linkage 109
 - Dendrogramm 108
- High-Scoring Segment-Pair 209
- Hintergrundwahrscheinlichkeit 189, 315, 331, 574
- HisF 314
- Histon 571
- HMM 289
- HMMER 319, 336
- HMMTOP 450
- Hochdurchsatzmethode 487, 520, 579
- Homo sapiens* 277
- homolog 26, 274
- Homologie 251
- Homologiemodellierung 411
 - I-TASSER 443
 - Lückenschluss 441
 - MODELLER 432
 - Modellqualität 412
 - Target 411
 - Templat 411
- horizontaler Gentransfer 462, 530
- HotKnots 384
- hot-spot 205
- HSP 209
- Human Genome Project 586
- humanes Prion-Protein 184
- Hybridisierung 488
- Hydrolaseinhibitor 22
- hydrophober Tunnel 25
- Hyperebene 136
- hypergeometrischer Test 515
- Hypersensitivität 579
- Hypothese 340

- I**
- Identitätsmatrix 191
- Index 204
- induktiver Ansatz 424
- Infix 33
- Informationsgehalt 198
 - Basenposition 7
- Informationstheorie 198
 - Entropie 198
 - Kullback-Leibler-Divergenz 179
- informative Eigenschaft 555
- Inhomogenität 549
- Insertion 315
- Insertionselement 471
- integrales Membranprotein 447
- Interaktion 8
 - Atom-Atom 425
 - Protein-Protein 52, 519
 - Stacking 378
- Interaktionsnetzwerk 503, 519
- Interaktom 519, 532
- Intron 300, 490
 - Längenverteilung 300
- inverse Proteinfaltung 417

- Inversion 152
- IPknot 384
- Iris versicolor* 549
- Irrfahrt 284
- ISA 502
- I-TASSER 443
- iteratives Clusterverfahren 104

- J**
- Jackknife-Verfahren 371
- Jalview 235
- Jensen-Shannon-Divergenz 244
- Jpred 373
- Jstacs 179
- JTT-Matrix 193
- Jury
 - Entscheidung 370
 - Verfahren 240

- K**
- k*-Means Clusterverfahren 102, 566
- Kalign 241
- Kandidaten-erzeugende Funktion 306
- kanonische Basenpaarung 374
- Kapazität 360
- Kasino, zeitweilig unehrliches 289
- KDS 431
- KEGG-Datenbank 514
- Kern 408
- Kern dichteschätzung 430
- Kernel 349
 - Fisher 354
 - Funktion 349
 - Gauß 352, 431
 - Matrix 349
 - Mismatch String 353
 - MLP-Kernel 355
 - Polynom 351
 - TPP 355
 - Trick 349
 - von Mises 432
- kernel density estimation 430
- Kernel-Trick 537
- Klassifikation 101, 251, 340
 - Bayessche Formel 88
 - binäre 548
 - *k* nächste Nachbarn 110
 - kladistische 255
 - label 86
 - leave-one-out 371
 - Likelihood 90
 - Marke 86
 - nächster-Nachbar 109
 - naive Bayessche 90
 - phänetische 255
- Klassifikationsfehler 97, 342
- Klassifikationsproblem 282, 340
 - Lösbarkeit 116
- Klassifikator 85
 - AUC 95
 - Güte 94
 - Kreuzvalidierung 98
 - leave-one-out Verfahren 98
 - Markov-Kette 283
 - Matthews Korrelationskoeffizient 97
 - MCC 97
 - naiver Bayesscher 89, 245, 535
 - overfitting 94
 - Präzision 96
 - Recall 97
 - schwacher 93
 - Sensitivität 95
 - Spezifität 95
 - Testdatensatz 94
 - Testfehler 97
 - Trainingsfehler 97
 - Überanpassung 94
- kleine Trainingsmenge 98
- Königsberger Brückenproblem 473
- Kolmogoroffsches Axiom 71
- Kolmogorov-Smirnov-Statistik 207
- kombinatorische Optimierung 395
- kompensierende Mutation 561
- komplementärer Strang 5, 487
- Komplexitäts-Status-Vektor 182
- Konformationsenergie 423
- konjugiert
 - Funktion 575
 - Prior 325
- Konkatenation 32
- Konsensus-Sequenz 180, 320
 - Steiner-String 180
- Konsensus-Symbol 180
- Konserviertheit 244
- Kontext, genomischer 479, 566
- kontextfreie Grammatik 477
- konvexes Optimierungsproblem 346
- Korrelationskoeffizient
 - Matthews 357
 - partieller 563
 - Pearsonscher 497, 524
- korrelierte Mutation 527
- Kostenfunktion, affine 169
- Kovarianzmatrix 501
- Kraftfeld 423
 - CHARMM 433

- semiempirisches 424
- wissenschaftliches 424
- Kreuzvalidierung 98, 359, 453
- Kullback-Leibler-Divergenz 179

L

- Längenmodellierung 300
- Lagrange Multiplikator 347
- Laplacesche Regel 297, 322
- last common ancestor 42
- LCA 42
- leave-one-out Verfahren 98, 371
- Lennard-Jones-Potenzial 438
- Lernalgorithmus 340
- Lernen 101
 - überwachtes 339
 - unüberwachtes 554
- Lernschritt 122
- Lerntheorie 345
- Lernverfahren 339
 - selbstorganisierende Karte 126
- Leseraster 6
 - offenes 6
 - Wechsel 480
- Levenshtein-Distanz 161
 - Berechnen 163
- LG-Matrix 268
- Likelihood 80, 88
- Likelihood-Verhältnis 90
- lineare Separabilität 117, 341
- linearer Diskriminator 341
- linkage-Verfahren 109
- Linker 571
- Lipidschicht 447
- LISP 140
- Lösungsmittelzugänglichkeit 245, 365
 - Berechnung 419
- logistic function 116
- log-likelihood 198, 315
- log-likelihood-Wert 298
- log-odds-Score 331
- log-sum-of-odds-Score 333
- lokaler Parameter 369
- lokales
 - Minimum 132, 396
 - Optimum 298
 - Sequenzalignment 167
- Lokalisationsproblem 282
- Lookup-Tabelle 205
- loop 408
- low-complexity-Filter 450
- lowess 493
- Lückenschluss 441

M

- MAFFT 241
- magnetische Kernresonanz 559
- Mahalanobis-Distanz 496
- Makromolekül
 - DNA 3
 - Protein 11
 - RNA 10
- MALIDUP 407
- MAMMOTH 355
- Manhattan-Distanz 102, 159
- MAP-Algorithmus 322
- MAPSCI 408
- Margin 341, 553
 - hard 345
 - soft 346
- Marginalisieren 91, 575
- Marginal-Verteilung 305
- Marke 86
- Markov-Kette 74
 - aperiodische 304
 - Definition 283
 - Eigenschaft 302
 - finite 282
 - höhere Ordnung 287
 - irreduzible 304
 - Klassifikator 283
 - nicht-homogene 286
 - poorly mixing 307
 - reversible 304
 - Übergangsmatrix 303
 - Umkehrbarkeitsbedingung 304
 - well mixing 307
 - zeithomogene 290
 - Zustandsmenge 282
 - Zustandswechsel 282
- Markov-Ketten Monte-Carlo Verfahren 304
- Markov-Modell 283
 - Irrfahrt 284
 - Zustandsgraph 284
- Markov-Prozess 266, 267
 - gedächtnislos 283
 - zeithomogen 283
- maschinelles Lernen 91, 339
 - algorithmenunabhängiges Verfahren 92
 - label 340
 - Marke 86
- MASS 408
- Massenspektrometrie 557
- Massezentrum 437
- Match 162, 188
- Matrix 187
 - additive 258

- BLOSUM 195
 - JTT 193
 - PAM 192
 - positiv-semidefinite 350
 - ultrametrische 256
 - WAG 268
 - Matrix-Entropie 198
 - Matthews Korrelationskoeffizient 97, 357
 - MAXHOM 369
 - maximum expected accuracy 384
 - Maximum-Likelihood-Methode 79
 - Maximum-Parsimony-Baum 263
 - MaxSub 337
 - MCC 357
 - McCaskill-Modell 387
 - MCL 567
 - M-Coffee 239
 - MEA 383
 - Mega-Genomprojekt 482
 - Mehrheitsregel 180, 552
 - Membranprotein 23, 458
 - integrales 447
 - MEMSAT-SVM 453
 - Meningitis 461
 - Mercer-Theorem 350
 - Merkmalskarte, Topologie-erhaltende 128
 - MeSH 513
 - Metabolit 27
 - Metabolomik 27
 - Metagenom 26, 38, 481
 - Metagenomik 481
 - Methanocaldococcus jannaschii* 477
 - Metrik 102, 158
 - euklidische 102
 - Hamming 159
 - Levenshtein 161
 - Mahalanobis 496
 - Manhattan 159
 - Manhattan-Distanz 102
 - Minkowski 159
 - semimetrische 497
 - Tanimoto-Metrik 102
 - Metropolis-Algorithmus 396
 - Metropolis-Hastings-Algorithmus 305
 - Metropolis-Kriterium 396
 - MFOLD 375
 - microRNA 374
 - Mikroorganismus 26
 - Minimum
 - globales 396
 - lokales 132, 139, 396
 - Minkowski-Metrik 159
 - Minusmodell 294
 - miRNA 578
 - mirror-tree 529
 - Mismatch 162, 188
 - Mismatch String Kernel 353
 - Mismatch-Nachbarschaft 353
 - mittleres Fehlerquadrat 102, 103, 500
 - MLP-Kernel 355
 - MNase-seq 572
 - Mnemonic 34
 - Modell, generatives 290
 - MODELLER 432
 - Modellieren 154
 - freies 413
 - templatbasiertes 411
 - molekulare Uhr 253
 - Monte-Carlo
 - Integration 305
 - Verfahren 439
 - moonlight zone 408
 - mRNA 374
 - Transkript 487
 - MSA 229
 - Multiklassen SVM 359
 - multiples Sequenzalignment 229
 - Score 231
 - Multiplikator, Lagrange 347
 - MUSCLE 241
 - MUSTANG 408
 - MUSTER 416
 - Muster
 - phyletisches 52, 356
 - RNY 287
 - Mutation 133
 - akzeptierte 192
 - fixierte 253
 - kompensierende 527, 561
 - korrelierte 527
 - mutual information 386, 561
 - Mycoplasma genitalium* 525
- N**
- nächster-Nachbar-Klassifikation 109
 - naiver Bayesscher Klassifikator 89, 245, 535
 - National Center for Biotechnology Information (NCBI) 48
 - ncRNA 11, 477
 - Nearest Neighbor Interchange 273
 - Nearest-Neighborhood-Klassifikation 510
 - Nebenbedingung 237, 433
 - Needleman-Wunsch Algorithmus 154
 - Neighbour-Joining Algorithmus 261
 - Neisseria meningitidis* 476

- Netzwerk 502
 - Interaktion 503
 - regulatorisches 173, 481
- netzwerkbasiertes Clustern 566
- Neuron 113
- neuronales Netz 113, 370
 - Architektur 113
 - Ausgabeschicht 114
 - balanced training 371
 - Eingabeschicht 114
 - layer 114
 - Lernen 121
 - Lernphase 122
 - Lernschritt 122
 - nicht sichtbare Schicht 114
 - Perzeptron 114
 - rekursives 454
 - Schicht 114
 - selbstorganisierende Karte 499
- Neyman-Pearson-Lemma 82, 285
- NMR 559
 - Datensatz 50
- NOE 559
- nominale Daten 547
- NONCODE 49
- Normalisierung 491
 - globale 492
 - Replikate 495
- Novikoff
 - Theorem von 343
- NPS 576
- N-Terminus 12
- Nuclear Overhauser Effect 559
- NucleoFinder 572
- Nukleosom 571
 - Bindestelle 281
 - Positionierung 570
- Nukleotid 4
 - Häufigkeit 281
- Nullhypothese 188, 284
- Nullmodell 218

- O**
- Occams Razor 360
- Ockhams Rasiermesser 360, 549
- odds ratio 189
- offenes Leseraster 6
- OMP Datenbank 456
- O-Notation 150
- Ontologie 38, 479, 588
 - kontrolliertes Vokabular 39
 - Topologie 41
- OOB 552

- open reading frame 6, 286
- Operon 10
- Optimierung 136
 - ganzzahlige 386
 - globales Optimum 395
 - kombinatorische 395
- Optimierungsproblem, konvexes 346
- Optimierungsverfahren, Einteilung 132
- Optimum
 - globales 346, 395
 - lokales 298
- ORF 6, 286
- Organismus
 - Ackerschmalwinde 59
 - *Arabidopsis thaliana* 59
 - *Bacillus subtilis* 8
 - *Caenorhabditis elegans* 462
 - *Drosophila melanogaster* 462
 - *Escherichia coli* 8
 - Eselspinguin 585
 - *Haemophilus influenzae* 461
 - halophiler 7
 - *Homo sapiens* 277
 - *Iris versicolor* 549
 - *Mycoplasma genitalium* 525
 - *Petrophaga lorioti* 461
 - *Plasmodium falciparum* 526
 - *Saccharomyces cerevisiae* 526
 - *Salmonella typhimurium* 8
 - Synechococcus 277
 - thermophiler 7
 - *Xanthomonas citris* 461
- orthogonaler Vektor 497
- ortholog 26
- Outgroup 275
- out-of-bag 552
- overfitting 352

- P**
- paarweiser Sequenzvergleich 145
 - affine Kostenfunktion 169
 - Laufzeit 164
 - Needleman-Wunsch Algorithmus 154
- paarweises Alignment 334
- Palindrom 281
- PAM 191
 - Einheit 191
 - Matrix 192
- PAM 250 194
- Paradigma, zentrales 146
- Paradigmenwechsel 519
- paralog 26, 274
- Parameter
 - globaler 369

- lokaler 369
- Schätzen 297
- Parsimony-Baum 264
- Parsimony-Methode 263
- partieller Korrelationskoeffizient 563
- Pathogenitätsinsel 152
- PCA 500
- PCMA 240
- PCR 231
- PDB 50, 412
- PDZ-Domäne 20
- Pearsonscher Korrelationskoeffizient 497, 524
- Peptidbindung 12
- Perzeptron 114, 341, 342
- Petrophaga lorioti* 461
- Pfam 55, 317
- Pflanze, Stammbaum 254
- PGAP 479
- Phänotyp 26, 509
- PHD 367
- Phosphatrest 4
- Phosphodiesterbindung 281
- Phospholipid 447
- PHRAP 476
- Phred 467
- phyletisches Muster 356
- PhyloBayes 277
- Phylogenie 253
 - Ansatz 255
 - Bootstrapping 276
 - distanzbasierte 256
 - Grundannahmen 274
 - Outgroup 275
 - posterior Wahrscheinlichkeit 277
- Phyre2 444
- pivot 409
- Plasmodium falciparum* 526
- Plusmodell 294
- POA-global 240
- Poisson-Verteilung 213
- Polymerase-Ketten-Reaktion 231
- Polynom-Kernel 351
- Pore 449
- positionsspezifische Scoring-Matrix 178
- positive-inside-Regel 449
- positiv-semidefinit 350
- Potenzial, Lennard-Jones 438
- Präfix 33
- Präprozessieren 203
- Precision-Recall Kurve 96
- PredictProtein 372
- PrePPI 538
- Primärstruktur 16
- Principal Component Analysis 500
- Prinzipalkomponente 501
- Prior, konjugierter 325
- ProbCons 240
- PROF_SIM 336
- Profil 229, 313
- Profil-HMM 313, 314
 - Emissionswahrscheinlichkeit 315, 321
- lokales Alignment 319
- Modell 320
- paarweises Alignment 334
- Pseudocount 322
- Rekursionsgleichung 318
- Struktur 317
- Übergangswahrscheinlichkeit 321
- Profiling 509
- Programm
 - 3D-1D-Profil 418
 - 3D-Coffee 239
 - 3DCOMB 408
 - 7TM-Interface 457
 - agrep 175
 - AlignMe 450
 - AUGUSTUS 301
 - BLAST 209
 - BLASTX 483
 - BOCTOPUS 456
 - BOMP 457
 - Clustal Omega 241
 - ClustalW 233
 - ConQuass 444
 - DALI 398
 - DaliLite 400
 - DeepAlign 402
 - DELTA-BLAST 225
 - Dialign-T 240
 - DOPE 436
 - Dotter 151
 - EULER 473
 - FASTA 204
 - FILM 457
 - FINSI 240
 - Force 566
 - FRpred 245
 - FUGUE 241
 - G2D 514
 - GENMARK 287
 - Genome Browser 462
 - Glimmer 8
 - GLIMMER3 479
 - GOEAST 515
 - HHblits 337

- HHsearch 330
- HMMER 319
- HMMTOP 450
- HotKnots 384
- IPknot 384
- ISA 502
- I-TASSER 443
- Jalview 235
- Jpred 373
- Jstacs 179
- Kalign 241
- MAFFT 241
- MAMMOTH 355
- MAPSCI 408
- MASS 408
- MAXHOM 369
- MaxSub 337
- MCL 567
- M-Coffee 239
- MEA 383
- MEMSAT-SVM 453
- MFOLD 375
- MODELLER 432
- MUSCLE 240, 241
- MUSTANG 408
- MUSTER 416
- NPS 576
- NucleoFinder 572
- PCMA 240
- PGAP 479
- PHD 367
- PHRAP 476
- Phred 467
- PhyloBayes 277
- Phyre2 444
- POA-global 240
- PredictProtein 372
- ProbCons 240
- PROTOMAT 195
- PSICOV 563
- PSIPRED 245
- pubmed2ensembl 514
- QUBIC 508
- RaptorX 444
- RAST 479
- REPuter 471
- RNAalifold 387
- ROSETTA 436
- ROSETTA 436
- RosettaMembrane 457
- RPS-BLAST 215
- SABLE 245
- SAM-T98 223
- SAP 241, 393
- SDPpred 246
- SEED 479
- Ska 539
- SPICi 569
- SPINE 372
- SplitsTrees 277
- STAM 450
- STAR 380
- STRUCTAL 392
- T-Coffee 236
- TemplateFilter 576
- TM-Align 400
- TMBpro 454
- Tobmodel 457
- TOPCONS 454
- UCSC-Browser 579
- VAST 389
- Verify-3D 444
- Vienna-Package 374
- Vorolign 395
- Programmieren, genetisches 139
- progressives Superpositionieren 408
- Prokaryont 26
- Promotor 9, 10, 340, 502
 - Score 178
- PROSITE-Datenbank 175
- Protein 11
 - ($\beta\alpha$)₈-Fass 18
 - aktives Zentrum 23
 - allosterisches Signal 25
 - Amidohydrolase 546
 - Bence-Jones 21
 - CAP 19, 372
 - Chymotrypsin 434
 - Domäne 53, 229
 - Elastase 434
 - Faltungstyp 54
 - Familie 53
 - Funktionszuweisung 209
 - Heterodimer 25
 - HisF 18, 314
 - Histon 571
 - Homodimer 25
 - Hydrolaseinhibitor 22
 - hydrophober Tunnel 25
 - Interface 85
 - Kern 408, 434
 - MAGI-1A 19, 52
 - Primärstruktur 16
 - Prion-Protein 184
 - Quartärstruktur 16
 - Reaktionszentrum 24

- Rubisco 18
- α -Helix-Bündel 448
- β -Fass 448
- SAP97 19
- Schleife 408
- Sekundärstruktur 16, 367
- Sekundärstrukturelement 16, 365
- Sequenz 33
- Strukturauflklärung 559
- Tertiärstruktur 16
- TrpA 25
- TrpB 25
- TrpC 23
- Tryptophansynthese 25
- Protein-2D-Struktur 16
 - Vorhersage 366
- Protein-3D-Struktur 16
 - Superposition 389
 - Vergleich 389
- Proteindomäne 19, 53, 229
- Proteinfaltung, inverse 417
- Proteinfamilie 20
- Protein-Interface 527
- Proteinkern 434
- Proteinkomplex 24
- Protein-Protein-Interaktion 52, 519
- Proteinstrukturaufklärung 559
- Proteom 519
- Proteomik 27
- PROTOMAT 195
- Pruning 549
- Pseudobindung 403
- Pseudocount 68, 221, 245, 246, 297, 322, 329, 452
- Pseudoknoten 375
- Pseudopotenzial 416
- PSI-BLAST 219, 336, 354
- PSICOV 563
- PSIPRED 245
- PubMed 513
- pubmed2ensembl 514
- Punktmutation, akzeptierte 192
- Pyrimidin 4
- Pyrosequenzierung 468

Q

- QSAR Modell 126
- Quartärstruktur 16
- Quartett-Puzzle 271
- QUBIC 508
- Query 154

R

- Ramachandran-Plot 14, 430
- Random Forests 309, 547
- Random Walk 132, 567
- RaptorX 444
- RAST 479
- Read 464, 572
- Receiver Operating Characteristic 95
- re-entrant Helix 458
- Referenzgenom 473
- RefSeq 49
- Regression 92, 116, 557
- regulärer Ausdruck 174
- regulatorisches Netzwerk 173, 481
- Rekursionsgleichung 318
- rekursives neuronales Netz 454
- relative Entropie 198
- repetitives Element 471
- Repressor 502
- Reproduktionsrate 133
- REPuter 471
- Residuen-Position 243
- Residuum 11, 86
- reverse engineering 587
- reverse Transkriptase 488
- reverses Komplement 5
- RF, angereicherter 555
- Rfam 477
- Ribonukleotid 366
- rigid body 434
- RMSD-Wert 390
- RNA 10
 - microRNA 374
 - mRNA 9, 374
 - ncRNA 11, 477
 - Polymerase 9
 - Pseudoknoten 375
 - reife 577
 - rRNA 374
 - Sekundärstruktur 377
 - Sequenz 374
 - snoRNA 578
 - Spleißen 490
 - Synthese 9
 - Tertiärstruktur 366
 - tRNA 8, 374
- RNAalifold 387
- RNA-Editing 557
- RNA-Sekundärstruktur 375
 - Vorhersage 373
- RNY-Muster 287
- ROBETTA 436
- robuste Statistik 82

- ROC-Kurve 94, 533
- Röntgenkristallografie
 - Datensatz 50
- Röntgenkristallographie 559
- ROSETTA 428, 436
- RosettaMembrane 457
- Rosettastein-Protein 522
- Rotamer 14, 428
- Rotamerbibliothek 428
 - rückgratabhängige 430
- Routenplaner 156
- RPS-BLAST 215
- rRNA 374
 - 16S 252
- Rückmutation 253
- Rückwärts-Algorithmus 294
- Rückwärts-Variable 296

- S**
- SABLE 245
- Saccharomyces cerevisiae* 505, 520, 526, 532
- Salmonella typhimurium* 8
- Sampling-Verfahren 419
- SAM-T98 223, 354
- SAP 241, 393
- Satz von
 - Atteson 262
 - Bayes 73
 - Scaffold 482
- Schätzen eines Parameters 297
- Schematheorem 136
- Schleife 408
- Schlupfen 181
- Schlupfvariable 343
- schwacher Klassifikator 92
- Schwellenwert 207
- Schwellenwertfunktion 115
- SCOP 218
 - all-alpha 22
 - all-beta 23
- SCOP2 54
- SCOP-20 336
- Score 166
 - Funktion 200
 - log-sum-of-odds 333
- Scoring-Matrix
 - Anforderung 190
 - BLOSUM 62 195
 - Identitätsmatrix 191
 - PAM 250 194
 - positionsspezifische 178, 219
- Scoring-Schema 187
 - additives 189
- SDPpred 246
- SEED 479, 545
- SEG-Algorithmus 182
- Sekretionssystem 308
- Sekundärstruktur 16
 - profilbasierte Vorhersage 367
 - α -Helix 17
 - β -Faltblatt 17
- Sekundärstrukturelement 365
- Selbstorganisation 127
- selbstorganisierende Karte 126, 499
- semantische Ähnlichkeit 42
- semiempirisches Kraftfeld 424
- semimetrische Distanz 497
- Sensitivität 95
- Sequenz 31
 - Ähnlichkeit 146
 - Definition 32
 - intergenische 301
 - Konkatenation 32
 - Konsensus 180, 320
 - Logo 179
 - niedrige Komplexität 181
 - Primärstruktur 31
 - Profil 176, 313
- Sequenzähnlichkeit 354
- Sequenzalignment 156, 229
 - globales 167
 - lokales 167
- Sequenzidentität 146
- Sequenzierung, Shotgun 464
- Sequenz-Profil 176
- sequenzspezifische Bindung 487
- Sequenzvergleich 252
 - Empfindlichkeit 222
 - profilbasierter 219
 - zentrales Paradigma 146
- SFP 406
- SH3-Domäne 20
- Shannon 528
 - Entropie 244
 - Informationsgehalt 179
 - Jensen-Shannon-Divergenz 244
 - Transinformation 244
- short range interaction 382
- Shotgun-Sequenzierung 464
- Signaltransduktion 512
- Signalverzerrung 492
- Signatur 174, 229
 - Algorithmus 503
- Silencer 502
- SILVA 481
- similar fragment pair 406

- Simulated Annealing 132, 307, 395
- single nucleotide polymorphism 579
- single-point-of-failure 586
- Ska 539
- Slack-Variable 343
- sliding window 286, 288
- slippage 181
- Smith-Waterman-Algorithmus 154, 203, 354
- snoRNA 578
- SNP 579
- soft margin 346
- Solvatationsenergie 423
- Sonde 488
- Spaghetticode 587
- Spanne 341
- Spezies 251
- Spezifität 95
- SPICi 569
- SPINE 372
- Spleißen 300
 - alternatives 490
- Spleißsite 300
- SplitsTrees 277
- Spracherkennung 289
- SSE (sum-of-squared-error) 103
- Stacking-Interaktion 378, 379
- STAM 450
- Stammbaum des Lebens 277
- Standardabweichung 75
- Standardnormalverteilung 77
- STAR 380
- Startwahrscheinlichkeit 303
- Statistik 66
 - analytische 65
 - beschreibende 65
 - Kolmogorov-Smirnov 207
 - robuste 82
- statistischer Test 188
 - Alternativhypothese 189
 - Chancenquotient 189
 - Fehler erster Art 82
 - Fehler zweiter Art 82
 - Grundlagen 81
 - Nullhypothese 188
 - odds ratio 189
 - Verbundwahrscheinlichkeit 189
- Steiner-Konsensus-String 180
- Stichprobe 65
- Stochastik 65
 - absolute Häufigkeit 67
 - Binomialverteilung 70
 - Bonferroni-Korrektur 509
 - Erwartungswert 74
 - frequency 67
 - geometrische Verteilung 71
 - Grundgesamtheit 65
 - hypergeometrischer Test 515
 - Kolmogorov-Smirnov-Statistik 207
 - Likelihoodfunktion 80
 - Markov-Ketten 281
 - Modell 66
 - Neyman-Pearson-Methode 83
 - Nullhypothese 66
 - occurrence 67
 - probability 67
 - Pseudocounts 67
 - Randverteilung 70
 - relative Häufigkeit 67
 - Schätzer 79
 - Statistik von Alignments 212
 - Stichprobe 65
 - stochastischer Prozess 282
 - Summenhäufigkeitsfunktion 69
 - Unabhängigkeit 73
 - Varianz 74
 - Verteilungsfunktion 69
 - Vorkommen 67
 - Wahrscheinlichkeitsfunktion 69
 - Zufallsvariable 68
- stochastischer Prozess 282
- Strang, codogener 9
- STRING 523
- STRUCTAL 392
- Structural Genomics Initiative 412
- strukturell variable Region 441
- Strukturvorhersage 337
 - *de novo* 438
- Stützvektor 347
- Stutzen 549
- Substitutionsmatrix 328
 - CLESUM 403
- Subsystem 545
- Suchmethode
 - Einteilung 132
 - Random Walk 132
- Suffix 33
- Suffixbaum, generalisierter 470
- Superposition 389, 390
- Superpositionieren, progressives 408
- Supersekundärstrukturelement 18
- Support-Vektor 347
- Support-Vektor-Maschine 309, 340
 - Multiklassen 359
 - theoretischer Hintergrund 360
 - Vapnik-Chervonenkis Theorie 360
 - Verwendung 356

- survival of the fittest 131, 145
 SV 347
 SVM 340
 Symbiontentheorie 277
 Symbol 32
 – Konsensus 180
 synchronisierte Zellen 573
Synechococcus 277
 Systembiologie 26, 462
- T**
- t*-Test 556
 T3 sekretierter Effektor 308
 Tanimoto-Metrik 102
 Tape76 545
 Target 411, 488, 511
 Taxon 251
 Taxonomie 251
 – Art 251
 – Genus 251
 – Maximum-Likelihood 266
 – Nearest Neighbor Interchange 273
 – Outgroup 275
 – Parsimony-Methode 263
 – Quartett-Puzzle 271
 – Spezies 251
 T-Coffee 236
 Teilwort 210
 Templat 411
 templatbasiertes Modellieren 411
 TemplateFilter 576
 Testfehler 97
 Tetanustoxin 478
 Theorem
 – Mercer 350
 – Novikoff 343
 Theorie
 – Bayessche Entscheidungstheorie 85
 – Evolutionstheorie 253
 – Generalisierung 360
 – Lerntheorie 345
 – Scoring-Matrizen 188
 – Shannonsche Informationstheorie 179
 – Vapnik-Chervonenkis 360
 Threading 156, 394, 411, 416
 Thymin 4
 TM-Align 400
 TMBpro 454
 TM-Distanz 392
 TM-Score 392
 TN 357
 Tobmodel 457
 tol-mirror-tree 531
- TOPCONS 454
 Torsionswinkel 428
 TP 357
 TPP-Kernel 355
 TPR 95
 Traceback 165, 292, 323, 335, 378
 Trainingsfehler 97
 Trainingsmenge 101, 122
 – CpG-Insel 285
 TRANSEAC 173
 Transinformation 244, 246, 386, 528, 561
 – bedingte 562
 transitive Fehlerfortpflanzung 477, 545
 Transkript 9
 Transkriptase, reverse 488
 Transkription 9
 Transkriptionsfaktor 10, 173, 579
 Transkriptionsmodul 502
 Transkriptom 487
 Transkriptomik 27
 Translationseffizienz 37
 Translokation 169
 Transmembranprotein 447
 Transposition 169
 Transversion 8, 152
 Triplet 6
 tRNA 8, 374
 twilight zone 248
 Typ III Sekretionssystem 308
 Tyrosin 15
- U**
- UCSC-Browser 579
 Überanpassung 94
 Überdeckung 466
 Übergangsmatrix 303
 Übergangswahrscheinlichkeit 266, 321
 überwachtes Lernen 339, 340
 Ultrametrik-Ungleichung 260
 Umkehrbarkeitsbedingung 304
 unabhängige Beobachtung 221
 Unabhängigkeit 73
 unausgeglichener Datensatz 554
 unbalanced training 371
 Ungleichung, Cauchy-Schwarz 350
 UniProt 48
 UniRef90 373
 universelle Approximation 119
 unüberwachtes Lernen 554
 Uracil 9
 Urnenexperiment 70
 Urnenmodell 70

V

- Validierung 276
- Vapnik-Chervonenkis Theorie 360
- Variable
 - Rückwärts 296
 - Vorwärts 295
- Varianz 75
- VAST 389
- Vektor 89, 126, 159, 340
 - orthogonaler 497
- Verbundwahrscheinlichkeit 189
- Vergleich 145
 - Codonhäufigkeit 37
 - Di-Codon 38
 - Proteinstrukturen 393
 - Sequenz 35
- Verify-3D 444
- Verteilung
 - Exponentialverteilung 78
 - Extremwertverteilung 213
 - geometrische 71, 300
 - gleichverteilte 75
 - Gumbel-Verteilung 214
 - Margin 341
 - Standardnormalverteilung 77
 - totalstetige 76
- Vienna-Package 374
- Vier-Punkte-Bedingung 258
- Viterbi
 - Algorithmus 292, 318, 332
 - Pfad 292
 - Training 299
 - Variable 292
- von Mises-Kernel 432
- Vorhersage 365
- Vorolign 395
- Vorwärts-Algorithmus 294
- Vorwärts-Variable 295

W

- Wärmekarte 510
- Wahrscheinlichkeit, bedingte 73

- Wahrscheinlichkeitsdichte 69
 - Approximieren 324
 - Boltzmannsche 396
- Wahrscheinlichkeitsverteilung 68
- Wasserstoffbrücke 4
- Wasserstoffbrückenbindung 7
 - im β -Faltblatt 17
 - in der α -Helix 17
- Widerstandsbeiwert 585
- wildcard 136
- Wildtyp 509
- Winkel
 - phi 12
 - psi 12
 - Rotationswinkel 13
- wissensbasiertes Kraftfeld 424
- w-mer 210
- Wrapper 141
- Wundstarrkrampf 461

X

- Xanthomonas citris* 461
- XML 51

Y

- yeast-two-hybrid-Verfahren 520

Z

- Z-Score 78, 496
- Zähldichte 69
- Zeichenkette 31
- zeitweilig unehrliches Kasino 289
- Zellmembranprotein 447
- zentrales Paradigma 146
- Zink-Finger 174
- Zufallsstichprobe 65
- Zufallsvariable 68
 - diskrete 69
- Zufallsweg 567
- Zustandsgraph 284
 - erweiterter 284
- Zustandsmenge 282
- Zwei-Farben-Microarray 488