

Inhaltsverzeichnis

Vorwort XV

Website XVII

| | | |
|----------|--|-----------|
| 1 | Biologische Grundlagen | 3 |
| 1.1 | DNA | 3 |
| 1.2 | Genetischer Code und Genomkomposition | 5 |
| 1.3 | Transkription | 9 |
| 1.4 | RNA | 10 |
| 1.5 | Proteine | 11 |
| 1.6 | Peptidbindung | 13 |
| 1.7 | Konformation von Aminosäureseitenketten | 14 |
| 1.8 | Ramachandran-Plot | 15 |
| 1.9 | Hierarchische Beschreibung von Proteinstrukturen | 16 |
| 1.10 | Sekundärstrukturelemente | 16 |
| 1.11 | α -Helix | 17 |
| 1.12 | β -Faltblätter | 17 |
| 1.13 | Supersekundärstrukturelemente | 18 |
| 1.14 | Protein-Domänen | 19 |
| 1.15 | Proteinfamilien | 20 |
| 1.16 | Fachbegriffe | 23 |
| 1.17 | Zitierte Literatur | 25 |
| 2 | Sequenzen und ihre Funktion | 27 |
| 2.1 | Definitionen und Operatoren | 28 |
| 2.2 | DNA-Sequenzen | 29 |
| 2.3 | Proteinsequenzen | 29 |
| 2.4 | Vergleich der Sequenzkomposition | 33 |
| 2.5 | Ontologien | 35 |
| 2.6 | Semantische Ähnlichkeit von GO-Termen | 38 |
| 2.7 | Zitierte Literatur | 40 |

| | | |
|----------|--|-----------|
| 3 | Datenbanken | 41 |
| 3.1 | DNA-Sequenz-Datenbanken | 42 |
| 3.2 | RNA-Sequenz-Datenbanken | 43 |
| 3.3 | Proteinsequenz-Datenbanken | 44 |
| 3.4 | Proteinstruktur-Datenbanken | 45 |
| 3.5 | SMART: Analyse der Domänenarchitektur | 46 |
| 3.6 | STRING: Proteine und ihre Interaktionen | 47 |
| 3.7 | SCOP: Strukturelle Klassifikation von Proteinen | 47 |
| 3.8 | Pfam: Kompilation von Proteinfamilien | 49 |
| 3.9 | COG und eggNOG: Gruppen orthologer Gene | 50 |
| 3.10 | Weitere Datenbanken | 50 |
| 3.11 | Zitierte Literatur | 54 |
| | | |
| 4 | Grundbegriffe der Stochastik | 59 |
| 4.1 | Grundbegriffe der beschreibenden Statistik | 61 |
| 4.2 | Urnenexperimente und diskrete Verteilungen | 63 |
| 4.3 | Die Kolmogoroffschen Axiome | 66 |
| 4.4 | Bedingte Wahrscheinlichkeit und Unabhängigkeit | 67 |
| 4.5 | Zufallselemente | 68 |
| 4.6 | Unabhängigkeit von Zufallselementen | 71 |
| 4.7 | Markov-Ketten | 71 |
| 4.8 | Erwartungswerte | 72 |
| 4.9 | Varianzen | 74 |
| 4.10 | Wichtige Wahrscheinlichkeitsverteilungen | 77 |
| 4.10.1 | Diskrete Verteilungen | 78 |
| 4.10.2 | Totalstetige Verteilungen | 79 |
| 4.11 | Schätzer | 82 |
| 4.12 | Grundlagen statistischer Tests | 85 |
| 4.13 | Eine optimale Entscheidungstheorie: Die Neyman-Pearson-Methode | 86 |
| 4.14 | Zitierte Literatur | 87 |
| | | |
| 5 | Bayessche Entscheidungstheorie und Klassifikatoren | 89 |
| 5.1 | Bayessche Entscheidungstheorie | 89 |
| 5.1.1 | Ein Beispiel: Klassifikation der Proteinoberfläche | 90 |
| 5.1.2 | Übergang zu bedingten Wahrscheinlichkeiten | 91 |
| 5.1.3 | Erweitern auf m Eigenschaften | 93 |
| 5.2 | Marginalisieren | 95 |
| 5.3 | Boosting | 96 |
| 5.4 | ROC-Kurven | 98 |
| 5.4.1 | Gewichten der Fehlklassifikationen | 99 |
| 5.4.2 | Aufnehmen einer ROC-Kurve | 99 |
| 5.5 | Testmethoden für kleine Trainingsmengen | 101 |
| 5.6 | Zitierte Literatur | 104 |

| | | |
|----------|---|-----|
| 6 | Klassische Cluster- und Klassifikationsverfahren | 105 |
| 6.1 | Metriken und Clusteranalyse | 106 |
| 6.2 | Das mittlere Fehlerquadrat als Gütemaß bei Clusteralgorithmen | 106 |
| 6.3 | Ein einfaches iteratives Clusterverfahren | 108 |
| 6.4 | <i>k</i> -Means-Clusterverfahren | 110 |
| 6.4.1 | Wahl einer geeigneten Anzahl <i>k</i> von Clustern | 111 |
| 6.4.2 | Statistische Bewertung der Clusteranzahl | 111 |
| 6.5 | Hierarchische Clusterverfahren | 113 |
| 6.6 | Nächster-Nachbar-Klassifikation | 114 |
| 6.7 | <i>k</i> nächste Nachbarn | 115 |
| 6.8 | Zitierte Literatur | 117 |
| | | |
| 7 | Neuronale Netze | 119 |
| 7.1 | Architektur von neuronalen Netzen | 120 |
| 7.2 | Das Perzeptron | 121 |
| 7.2.1 | Schwellenwertfunktion | 121 |
| 7.2.2 | Ein Beispiel: Modellierung Boolescher Funktionen | 122 |
| 7.3 | Lösbarkeit von Klassifikationsaufgaben | 123 |
| 7.4 | Universelle Approximation | 126 |
| 7.5 | Lernen in neuronalen Netzen | 128 |
| 7.5.1 | Der Backpropagation-Algorithmus | 129 |
| 7.5.2 | Interpretation des Lernschrittes | 131 |
| 7.6 | Codierung der Eingabe | 132 |
| 7.7 | Selbstorganisierende Karten | 133 |
| 7.7.1 | Aufbau der Karte | 134 |
| 7.7.2 | Selbstorganisation | 135 |
| 7.8 | Zitierte Literatur | 136 |
| | | |
| 8 | Genetische Algorithmen | 137 |
| 8.1 | Objekte und Funktionen | 139 |
| 8.2 | Algorithmus | 141 |
| 8.3 | Der Begriff des Schemas | 142 |
| 8.4 | Dynamik der Anzahl von Schemata | 143 |
| 8.5 | Codierung der Problemstellung | 145 |
| 8.6 | Genetisches Programmieren | 146 |
| 8.7 | Zitierte Literatur | 149 |
| | | |
| 9 | Paarweiser Sequenzvergleich | 153 |
| 9.1 | Dotplots | 155 |
| 9.1.1 | Definition | 155 |
| 9.1.2 | Beispiel | 155 |
| 9.1.3 | Implementierung | 157 |
| 9.1.4 | Abschätzen der Laufzeit | 158 |
| 9.1.5 | Anwendungen | 159 |
| 9.1.6 | Einschränkungen und Ausblick | 162 |

| | | |
|-----------|--|------------|
| 9.2 | Entwicklung eines optimalen Alignmentverfahrens | 162 |
| 9.2.1 | Vom paarweisen zum multiplen Sequenzalignment | 164 |
| 9.2.2 | Dynamisches Programmieren | 165 |
| 9.2.3 | Distanz, Metrik | 167 |
| 9.2.4 | Minkowski-Metrik | 168 |
| 9.2.5 | Eine Metrik für Zeichenketten: Die Hamming-Distanz | 169 |
| 9.3 | Levenshtein-Distanz | 170 |
| 9.3.1 | Berechnung der Levenshtein-Distanz | 172 |
| 9.3.2 | Ableiten des Alignments | 175 |
| 9.4 | Bestimmen der Ähnlichkeit von Sequenzen | 176 |
| 9.4.1 | Globales Alignment | 177 |
| 9.4.2 | Lokales Sequenzalignment | 177 |
| 9.5 | Optimales Bewerten von Lücken | 179 |
| 9.5.1 | Bewertung mithilfe affiner Kostenfunktion | 180 |
| 9.5.2 | Integration in Algorithmen | 180 |
| 9.6 | Namensgebung | 182 |
| 9.7 | Zitierte Literatur | 182 |
| 10 | Sequenz-Motive | 183 |
| 10.1 | Signaturen | 184 |
| 10.2 | Die PROSITE-Datenbank | 185 |
| 10.3 | Die BLOCKS-Datenbank | 186 |
| 10.4 | Sequenz-Profile | 187 |
| 10.5 | Bestimmen von Scores für Promotor-Sequenzen | 188 |
| 10.6 | Sequenz-Logos | 189 |
| 10.7 | Konsensus-Sequenzen | 189 |
| 10.8 | Sequenzen niedriger Komplexität | 191 |
| 10.9 | Der SEG-Algorithmus | 191 |
| 10.10 | Zitierte Literatur | 195 |
| 11 | Scoring-Schemata | 197 |
| 11.1 | Zur Theorie von Scoring-Matrizen | 198 |
| 11.2 | Algorithmen bedingte Anforderung an Scoring-Matrizen | 200 |
| 11.3 | Identitätsmatrizen | 201 |
| 11.4 | PAM-Einheit | 201 |
| 11.5 | PAM-Matrizen | 202 |
| 11.6 | Erweiterte Datenbasis: Die JTT-Matrix | 203 |
| 11.7 | BLOSUM-Matrizen | 205 |
| 11.8 | Matrix-Entropie | 207 |
| 11.9 | Scoring-Schemata und Anwendungen | 209 |
| 11.10 | Scoring-Funktionen | 209 |
| 11.11 | Zitierte Literatur | 210 |

| | | |
|-----------|--|------------|
| 12 | FASTA, BLAST, PSI-BLAST | 213 |
| 12.1 | FASTA | 215 |
| 12.2 | FASTA-Statistik | 217 |
| 12.3 | BLAST | 219 |
| 12.4 | Statistik von Alignments | 222 |
| 12.4.1 | Statistik globaler Alignments | 222 |
| 12.4.2 | Statistik lokaler Alignments | 222 |
| 12.5 | Vergleich der Empfindlichkeit von FASTA und BLAST | 227 |
| 12.6 | Verfeinerung der Algorithmen | 228 |
| 12.7 | Profil basierter Sequenzvergleich | 228 |
| 12.8 | Verwenden von Intermediärsequenzen | 229 |
| 12.9 | PSI-BLAST | 231 |
| 12.10 | Die Empfindlichkeit von Sequenzvergleichsmethoden | 235 |
| 12.11 | Vergleich von Profilen und Konsensus-Sequenzen | 236 |
| 12.12 | Zitierte Literatur | 238 |
| | | |
| 13 | Multiple Sequenzalignments | 239 |
| 13.1 | Berechnen von Scores für multiple Sequenzalignments | 241 |
| 13.2 | Iteratives, progressives Bestimmen eines multiplen Alignments | 242 |
| 13.3 | ClustalW: Konzepte | 243 |
| 13.4 | ClustalW: Algorithmus | 244 |
| 13.5 | ClustalW: Multiples Sequenzalignment für Trypsin-Inhibitoren | 244 |
| 13.6 | T-Coffee | 246 |
| 13.7 | M-Coffee und 3D-Coffee | 250 |
| 13.8 | Alternative Ansätze | 251 |
| 13.9 | Verwenden von MSAs zur Charakterisierung von Residuen | 251 |
| 13.9.1 | Entwickeln der Scoring-Funktion | 252 |
| 13.9.2 | SDPpred: Vergleich homologer Proteine mit unterschiedlicher Spezifität | 254 |
| 13.10 | Alignment von DNA- und RNA-Sequenzen | 256 |
| 13.11 | Zitierte Literatur | 257 |
| | | |
| 14 | Grundlagen phylogenetischer Analysen | 259 |
| 14.1 | Phylogenetische Ansätze | 263 |
| 14.2 | Distanz basierte Verfahren | 264 |
| 14.2.1 | Ultrametrische Matrizen | 264 |
| 14.2.2 | Additive Matrizen | 266 |
| 14.3 | Linkage-Algorithmen | 268 |
| 14.4 | Der Neighbour-Joining-Algorithmus | 270 |
| 14.5 | Parsimony-Methoden | 272 |
| 14.6 | Konstruktion eines Parsimony-Baumes | 274 |
| 14.7 | Maximum-Likelihood-Ansätze | 275 |
| 14.7.1 | Übergangswahrscheinlichkeiten für DNA-Sequenzen | 275 |
| 14.7.2 | Empirische Modelle der Protein-Evolution | 276 |
| 14.7.3 | Berechnen der Likelihood eines Baumes | 278 |

| | | |
|-----------|--|------------|
| 14.7.4 | Quartett-Puzzle | 280 |
| 14.8 | Grundannahmen phylogenetischer Algorithmen | 283 |
| 14.9 | Phylogenetische Analyse und statistische Bewertung | 284 |
| 14.9.1 | Verwenden von Outgroups | 284 |
| 14.9.2 | Das Bootstrap-Verfahren | 284 |
| 14.10 | Weitere phylogenetische Ansätze und Resultate | 286 |
| 14.11 | Zitierte Literatur | 287 |
| 15 | Hidden-Markov-Modelle | 289 |
| 15.1 | Eine Problem orientierte Einführung | 290 |
| 15.2 | Markov-Modelle | 293 |
| 15.3 | Ergodische Markovsche Ketten | 300 |
| 15.3.1 | Die Kolmogorov-Chapman-Gleichungen | 300 |
| 15.3.2 | Klassifikation der Zustände | 301 |
| 15.3.3 | Stationäre Verteilungen | 306 |
| 15.3.4 | Ergodizität von Quellen | 308 |
| 15.3.5 | Fazit | 309 |
| 15.4 | Niveau und Macht einfacher Tests | 310 |
| 15.5 | Exkurs: Grenzwertsätze | 316 |
| 15.6 | Diskrimination von CpG-Inseln | 319 |
| 15.7 | Ansätze zur Lokalisierung von CpG-Inseln | 322 |
| 15.8 | Der Begriff des Hidden-Markov-Modells | 325 |
| 15.9 | Wichtige Algorithmen für HMMs | 328 |
| 15.9.1 | Der Vorwärtsalgorithmus | 329 |
| 15.9.2 | Der Viterbi-Algorithmus | 332 |
| 15.9.3 | Der Rückwärtsalgorithmus | 336 |
| 15.9.4 | Die <i>A-posteriori</i> -Wahrscheinlichkeit der Zustände | 337 |
| 15.10 | Das zeitweise unehrliche Casino | 339 |
| 15.11 | Das Rekonstruktionsproblem für HMMs | 342 |
| 15.11.1 | Ein Maximum-Likelihood-Schätzer | 342 |
| 15.11.2 | Der Baum-Welch-Algorithmus zur Parameterschätzung | 345 |
| 15.12 | Zitierte Literatur | 350 |
| 16 | Profil-HMMs zur Modellierung von Proteinfamilien | 351 |
| 16.1 | Profil-HMMs | 353 |
| 16.2 | Viterbi-Pfade in Profil-HMMs | 356 |
| 16.3 | Eine Lösung des Anfrageproblems | 361 |
| 16.4 | Vorwärts- und Rückwärtsvariablen | 362 |
| 16.5 | Vom MSA zum Profil-HMM | 366 |
| 16.6 | Zitierte Literatur | 369 |
| 17 | Bedingte Markovsche Zufallsfelder | 371 |
| 17.1 | Markierungsprobleme und ME-Prinzip | 372 |
| 17.1.1 | Umfang eines Markierungsproblems | 373 |
| 17.1.2 | Merkmale | 374 |

| | | |
|-----------|--|------------|
| 17.1.3 | Maximierung der bedingten Entropie als Induktionsprinzip | 375 |
| 17.1.4 | ML-Parameterbestimmung | 377 |
| 17.2 | Der Satz von Hammersley und Clifford | 378 |
| 17.3 | IIS-Algorithmus | 380 |
| 17.4 | Linien-CRFs | 383 |
| 17.4.1 | Precomputing | 383 |
| 17.4.2 | Inferenz | 385 |
| 17.4.3 | Training: Umsetzung des IIS-Algorithmus | 386 |
| 17.5 | Zitierte Literatur | 390 |
| 18 | Vorhersage der Sekundärstruktur | 391 |
| 18.1 | Vorhersage der Proteinsekundärstruktur | 392 |
| 18.1.1 | Erste Ansätze: Chou-Fasman | 392 |
| 18.1.2 | PHD – Profil basierte Vorhersage | 394 |
| 18.1.2.1 | Vorgehensweise in PHD | 394 |
| 18.1.2.2 | Die Entwicklung und Validierung der Konformation von PHD | 396 |
| 18.1.2.3 | Trainieren der neuronalen Netze | 397 |
| 18.1.2.4 | Validierung mit <i>Leave-one-out</i> -Verfahren | 397 |
| 18.2 | Vorhersage der RNA-Sekundärstruktur | 399 |
| 18.2.1 | RNA-Sequenzen und -Strukturen | 400 |
| 18.2.2 | Freie Energie und Strukturen | 401 |
| 18.2.3 | Vorhersage der Sekundärstruktur durch Energieminimierung | 403 |
| 18.2.4 | Strukturen mit Schleifen | 404 |
| 18.2.4.1 | Berücksichtigung von Stacking-Interaktionen | 405 |
| 18.2.4.2 | Rekursionsgleichungen mit Stacking-Interaktionen | 406 |
| 18.2.5 | STAR: Vorhersage der Sekundärstruktur unter Verwendung eines genetischen Algorithmus | 407 |
| 18.2.5.1 | Erste Version des Modells | 407 |
| 18.2.5.2 | Zweite Version: Modellierung der RNA-Faltung | 409 |
| 18.2.5.3 | Ergebnisse | 410 |
| 18.2.6 | Weitere Verfahren zur Vorhersage von Strukturen mit Pseudoknoten | 410 |
| 18.3 | Zitierte Literatur | 411 |
| 19 | Vergleich von Protein-3D-Strukturen | 413 |
| 19.1 | Vergleich zweier Protein-3D-Strukturen | 413 |
| 19.2 | Superposition von Protein-3D-Strukturen | 415 |
| 19.3 | SAP: Vergleich von 3D-Strukturen mithilfe von Vektorbündeln | 416 |
| 19.4 | Simulated Annealing | 419 |
| 19.5 | Superposition mithilfe von DALI | 422 |
| 19.5.1 | Scores für Substrukturen | 423 |
| 19.5.2 | Alignieren von Substrukturen | 424 |
| 19.6 | TM-Align | 425 |
| 19.7 | Zitierte Literatur | 427 |

| | | |
|-----------|---|------------|
| 20 | Homologiemodellierung und Vorhersage der Protein-3D-Struktur | 429 |
| 20.1 | Verwenden von Threading-Verfahren | 431 |
| 20.2 | Eine Profil-Methode: 3D-1D-Profile | 433 |
| 20.2.1 | Bestimmen der Umgebungen | 433 |
| 20.2.2 | Generieren eines 3D-1D-Profiles | 435 |
| 20.3 | Wissensbasierte Kraftfelder | 438 |
| 20.3.1 | Theoretische Grundlagen | 441 |
| 20.3.2 | Ableiten der Potenziale | 443 |
| 20.4 | GenThreader | 445 |
| 20.5 | 3D-PSSM | 445 |
| 20.5.1 | Generieren einer Profil-Bibliothek | 446 |
| 20.5.2 | Erstellen einer 3D-PSSM | 447 |
| 20.5.3 | Prozessieren der Query | 449 |
| 20.5.4 | Strukturvorhersage | 450 |
| 20.5.5 | Beitrag individueller Parameter | 452 |
| 20.6 | HHsearch | 453 |
| 20.6.1 | Grundlagen des Alignments von Hidden-Markov-Ketten | 453 |
| 20.6.2 | Paarweises Alignment von HMMs | 457 |
| 20.6.3 | Performanz von HHsearch | 458 |
| 20.6.4 | Strukturvorhersage mit HHsearch | 460 |
| 20.7 | ROSETTA/ROBETTA | 460 |
| 20.7.1 | Energietерme | 461 |
| 20.7.2 | <i>De novo</i> Strukturvorhersage mit ROSETTA | 464 |
| 20.7.3 | Alternativen zur Fragmentinsertion | 465 |
| 20.7.4 | Modellieren strukturell variabler Regionen in Homologiemodellen | 466 |
| 20.8 | Weitere Ansätze | 467 |
| 20.9 | Zitierte Literatur | 468 |
| 21 | Analyse integraler Membranproteine | 471 |
| 21.1 | Struktur integraler Membranproteine | 472 |
| 21.2 | Spezifische Probleme beim Sequenzvergleich | 473 |
| 21.3 | Vorhersage der Topologie von Helix-Bündeln | 474 |
| 21.3.1 | HMMTOP: das Topologiemodell | 474 |
| 21.3.2 | HMMTOP: Architektur des HMMs | 476 |
| 21.4 | Vorhersage der Topologie und Struktur von β -Fässern | 477 |
| 21.4.1 | Architektur von TMBpro | 478 |
| 21.4.2 | Ausgabe und Performanz von TMBpro | 479 |
| 21.5 | Gegenwärtiger Stand bioinformatischer Methoden | 480 |
| 21.6 | Zitierte Literatur | 480 |
| 22 | Entschlüsselung von Genomen | 481 |
| 22.1 | Shotgun-Sequenzierung | 484 |
| 22.2 | Die Anzahl von Contigs beim Shotgun-Ansatz | 485 |
| 22.3 | Basecalling | 486 |
| 22.4 | Assemblieren von Teilsequenzen | 488 |

- 22.4.1 Phase 1: Bestimmen überlappender Präfix-/Suffix-Regionen 489
- 22.4.2 Phase 2: Erzeugen von Contigs 490
- 22.4.3 Phase 3: Generieren der Konsensus-Sequenz 491
- 22.5 Annotation kompletter Genome 492
- 22.6 Metagenomik 496
- 22.6.1 Spezielle Anforderungen an die Bioinformatik 496
- 22.6.2 Minimalanforderungen für Metagenom-Annotation 497
- 22.7 Zitierte Literatur 498

- 23 Auswertung von Genexpressionsdaten 501**
- 23.1 DNA-Chip-Technologie 501
- 23.1.1 Datenbanken für Genexpressionsdaten 503
- 23.1.2 Grenzen der Technologie 504
- 23.2 Bioinformatische Analyse von DNA-Chip-Signalen 505
- 23.2.1 Quantifizierung von Expressionswerten 505
- 23.2.2 Normalisierung und Datenreduktion 506
- 23.2.3 Normalisierung über Replikate 510
- 23.3 Identifizieren differentiell exprimierter Gene 511
- 23.4 Metriken zum Vergleich von Expressionsdaten 511
- 23.5 Algorithmen für die Analyse kompletter DNA-Chip-Datensätze 513
- 23.5.1 Anwendung von Clusterverfahren auf Genexpressionsdaten 514
- 23.5.2 Validierung und Alternativen 514
- 23.6 Hauptkomponentenanalyse 515
- 23.7 Biclusterverfahren 517
- 23.7.1 Ein Beispiel für Biclusterverfahren: ISA 518
- 23.7.2 Der Signatur-Algorithmus 519
- 23.7.3 Iterative Optimierung 522
- 23.8 Grenzen und Alternativen 524
- 23.9 Genexpressions-Profilung 524
- 23.10 Wärmekarten 525
- 23.10.1 Der klassische Ansatz 526
- 23.10.2 Kombination von Datenquellen mithilfe von ClusCor 527
- 23.11 Informationsgewinnung für systembiologische Fragestellungen 528
- 23.11.1 Bündelung von Datenbankinformation 529
- 23.11.2 Statistische Analyse der Termverteilung 529
- 23.11.3 Verwendbarkeit des Verfahrens 530
- 23.12 Zitierte Literatur 530

- 24 Analyse von Protein-Protein-Interaktionen 533**
- 24.1 Biologische Bedeutung des Interaktoms 534
- 24.2 Methoden zum Bestimmen des Interaktoms 534
- 24.3 Anforderungen an Datenbanksysteme 536
- 24.4 Analyse des Genominhaltes 537
- 24.4.1 Genfusion 538
- 24.4.2 Phyletische Muster 539

| | | |
|-----------|--|------------|
| 24.4.3 | Analyse von Genfolgen | 540 |
| 24.4.4 | Performanz Sequenz basierter Methoden | 541 |
| 24.5 | Bewertung von Codon-Häufigkeiten | 542 |
| 24.6 | Suche nach korrelierten Mutationen | 543 |
| 24.6.1 | Generieren von sortierten MSA-Paaren | 544 |
| 24.6.2 | Identifizieren korrelierter Mutationen | 544 |
| 24.7 | Vergleich phylogenetischer Bäume | 545 |
| 24.7.1 | Die Mirror-tree-Methode | 546 |
| 24.7.2 | Korrektur des Hintergrundsignals | 547 |
| 24.8 | Vorhersage des Interaktoms der Hefe mithilfe eines Bayesschen Klassifikators | 548 |
| 24.9 | Zitierte Literatur | 553 |
| 25 | Zum Schluss | 555 |
| 25.1 | Zitierte Literatur | 559 |
| | Stichwortverzeichnis | 561 |