

Stichwortverzeichnis

Symbole

$(\beta\alpha)_8$ -Fass 21
 3D-1D-Profil 484
 3D-Coffee 289
 3DCOMB 472

A

Abstand *siehe* Metrik
 accession number 59
 AdaBoost 110
 Adenin 6
 affine Kostenfunktion 213, 372
 affinity propagation 127
 agrep 220
 Ähnlichkeit
 semantische 49
 Aktivator 597
 Alanin 16
 Algorithmus
 AdaBoost 110, 111
 affinity propagation 129
 agglomeratives Clustern 126
 Backpropagation 143, 144, 397
 Baum-Welch 353, 532
 Bootstrapping 328
 Boyer-Moore 198
 ClustalW 283
 Codon-usage-Kontrast 43
 Dotplot 193
 expectation maximisation 322, 603
 FRpred 297
 funSim 50
 genetischer 171, 174

Gibbs-Sampler 362
 G-SESAME 50
 iteratives Clustern 123
k-Means-Clusterverfahren 124
 Kreuzvalidierung 116
 Levenshtein-Distanz 208
 Linkage-Verfahren 311
 LOESS 585
 LZW-Komprimierung 413
 MAP 378
 Markov-Ketten-Monte-Carlo 328
 Metropolis 360, 456
 Metropolis-Hastings 360
 mirror-tree 627
 nearest neighbor interchange 325
 Needleman-Wunsch 199, 346
 Neighbour-Joining 284, 313
 Perzeptron 400
 Perzeptron (duale Form) 402
 PrePPI 637
 Quartett-Puzzle 323
 Random Forest 652
 randomisierter 173
 ROC-Kurve 113
 Rückwärtsalgorithmus 350
 SEG 228
 selbstorganisierende Karte 149
 Signatur 598
 Sim 52
 simulated annealing 361, 457
 Smith-Waterman 199, 252
 tol-mirror-tree 629
 UPGMA 312

706 | Stichwortverzeichnis

- Viterbi-Pfad 346
 - Viterbi-Training 354
 - Vorwärtsalgorithmus 350
 - AlignMe 530
 - Alignment 195, 390
 - Erwartungswert 237
 - globales 199, 286
 - lokales 199, 286
 - Statistik 259
 - Traceback 210
 - Allel 173
 - allosterisches Signal 27
 - Alphabet 38
 - DNA 40
 - Protein 39, 42
 - Alpha-Fehler-Kumulierung 99
 - AlphaFold 677
 - AlphaFold DB 683
 - AlphaFold2 680
 - alternatives Spleißen 583
 - Alternativhypothese 235, 338
 - Ambystoma mexicanum* 545
 - Amidohydrolase 646
 - AmiGO 46
 - Aminogruppe 16
 - Aminosäure 14
 - Alanin 16
 - Arginin 18
 - Dreibuchstabencode 39
 - Eigenschaften 14
 - Einbuchstabencode 39
 - Glycin 16, 17
 - hydrophile 14
 - hydrophobe 14
 - Rest 14, 104
 - Rotamer 16, 495
 - Tyrosin 18
 - Venn-Diagramm 15
 - angereicherter Random Forest 655
 - Anker 472
 - Annotation 31, 546
 - Qualität 567
 - ANOVA 587
 - Ansatz
 - deduktiver 490
 - induktiver 490
 - Apo-Struktur 481
 - Approximation 96
 - universelle 141
 - Wahrscheinlichkeitsdichte 380
 - Arabidopsis thaliana* 72, 602
 - Archaeen (Archaea) 329
 - Archaeon 30
 - Architektur von NN 136
 - Arginin 18
 - argmax-Funktion 107
 - ARRAYEXPRESS 581
 - Art 303
 - Assemblieren
 - FGS-Ansatz 553
 - SGS-Ansatz 558
 - TGS-Ansatz 561
 - Atlas of Protein Sequence and Structure 645
 - Atom-Atom-Interaktion 491
 - Attention 161, 680
 - Atteson, Satz von 314
 - Attribut 406
 - Aufzählmethode 172
 - AUGUSTUS 356
 - Ausdruck, regulärer 220
 - average linkage 607
- B**
- Bacillus subtilis* 10
 - backbone 16
 - Backpropagation-Algorithmus 397
 - Bakterien (Bacteria) 305
 - Bakterium 30, 305
 - gramnegatives 31, 363, 529
 - grampositives 31
 - balanced training 432
 - Barcode 591
 - Basecalling 551
 - Basenpaarung 7
 - kanonische 438
 - Basis orthogonaler Einheitsvektoren 595
 - Baum
 - binärer 284
 - des Lebens 329
 - gerichteter 305
 - Likelihood 321
 - Parsimony 317

- Präfix 317
 - Suffix 317
 - tol-mirror-tree 629
 - ultrametrischer 308
 - Baum-Welch-Algorithmus 353, 532
 - Bayes 90
 - A-posteriori-Wahrscheinlichkeit 106
 - Entscheidungstheorie 103, 359
 - Klassifikator 631
 - Likelihood 97, 317
 - naiver bayesscher Klassifikator 108, 298, 633
 - Satz von Bayes 90, 106
 - bayessche Entscheidungstheorie 103
 - bayessche Formel 106
 - bedingte Wahrscheinlichkeit 89
 - Beijing Institute of Genomics 645
 - Benchmark-Datensatz 288, 295
 - Benjamini-Hochberg-Korrektur 606
 - Beobachtung, unabhängige 268
 - bias 137
 - Bibliothek, erweiterte 286
 - Biclusterverfahren 597
 - biLSTM 161
 - binäre Klassifikation 648
 - Bindemotiv 700
 - Bindestelle 13, 335
 - Nukleosom 335
 - Binomialverteilung 86
 - bio-inspired optimization 182
 - Biokuration 645
 - Bionik 699
 - Biostatistik 703
 - BioStudies 581
 - Bisulfidsequenzierung 684
 - BLAST 197, 255, 392
 - 6-mer 258
 - Alternativen 275
 - Ausgabe 264
 - BLASTX 573
 - DELTA-BLAST 271
 - Empfindlichkeit 264
 - Erwartungswert 259
 - Erweiterung mit Lücken 257
 - E-Wert 260
 - high-scoring segment pair 256
 - PSI-BLAST 267
 - reduziertes Alphabet 258
 - w-mer 256
 - BLASTX 573
 - BLOCKS_9 382
 - BLOCKS-Datenbank 221, 382
 - BLOSUM-Matrix 241
 - BOCTOPUS2 539
 - Boltzmann
 - Gesetz 491
 - Wahrscheinlichkeitsdichte 455
 - Bonferroni-Holm-Verfahren 656
 - Bonferroni-Korrektur 606
 - Bonferroni-Ungleichung 100
 - boolsche Funktion 138
 - EXOR 140
 - NICHT 138
 - UND 138
 - Boosting 110, 633
 - Bootstrapping 654
 - Bos taurus* 545
 - Brookhaven National Laboratory 60
 - burn-in period 361
- C**
- Caenorhabditis elegans* 546
 - Canu 564
 - CAP
 - 2-D-Struktur 437
 - Protein 433
 - Sequenz 39
 - Carboxylgruppe 16
 - CART-Verfahren 649
 - CASP14 691
 - CASP-Wettbewerb 394, 480, 677
 - Cauchy-Schwarz-Ungleichung 408
 - CDD 471
 - cDNA 580
 - centroid 505
 - CG-Dinukleotid 335
 - Chancenquotient 44, 235
 - Chapman-Kolmogorov-Gleichung 358
 - CHARMM-Kraftfeld 500
 - chemical shift 659
 - Chou-Fasman-Verfahren 428
 - Chromatin 671
 - Chromosom 8, 549, 670

708 | *Stichwortverzeichnis*

- Chymotrypsin 501
 - CLESUM 466
 - Clostridium tetani* 545, 566
 - Cloud 646
 - Clustal 282
 - ClustalW 283
 - Omega 292
 - Cluster
 - überlappend 130
 - Clusterverfahren 119
 - affinity propagation 127
 - agglomeratives 126
 - Bewertung 129
 - complete linkage 127
 - Genexpressionsdaten 593
 - hierarchisches 126
 - iteratives 121
 - k-Means 123
 - netzwerkbasierendes 666
 - selbstorganisierende Karte 148
 - single linkage 127
 - c-myc 690
 - Code, genetischer 8
 - Codierung
 - binäre 176
 - Gray-Code 176
 - one-hot 147
 - orthogonale 147
 - codogener Strang 12
 - Codon 8, 11
 - bevorzugtes 340
 - codon usage bias 11
 - Häufigkeit 10
 - Sinn-codon 43
 - Startcodon 9
 - Stoppcodon 9
 - synonymes 11
 - usage 12
 - Codon-usage-Kontrast 43
 - COG-Kategorie 68
 - COMPASS 392
 - ConQuass 504
 - Conserved Domain Database 262, 471
 - constraint 287, 499
 - Contig 553
 - Anzahl 550
 - convolutional layer 154
 - core 471
 - CpG-Insel 336
 - Lokalisation mittels HMM 348
 - Trainingsmenge 339
 - CPU 701
 - CRISPR 568
 - Crossing-over 173
 - ungleiches 212
 - C-Terminus 16
 - CVE-Plot 270
 - Cy3, Cy5 580
 - Cytosin 6
 - Methylierung 335
- D**
- DAG 47, 51
 - DALI 458
 - DaliLite 460
 - Darwin, Theorie 305
 - darwinsche Evolutionstheorie 28
 - Dateiformat, FASTA 40
 - Daten, nominale 647
 - Datenbank 57
 - 3-D-Struktur 60
 - accession number 59
 - AlphaFold DB 683
 - AmiGO 46
 - ARRAYEXPRESS 581
 - AtMAD 72
 - Aufbau 72
 - Babelomics 609
 - BALiBASE 288
 - BioCyc/EcoCyc 72
 - BioStudies 581
 - BLOCKS 221, 241, 382
 - BRENDA 71
 - COG 68
 - Conserved Domain Database 262, 471
 - DIP 636
 - eggNOG 68
 - Electron Microscopy Data Bank (EMDB) 61
 - ENCODE 545, 686
 - Ensembl 58
 - Entrez 70
 - entry 57

- European Nucleotide Archive (ENA) 58
- FIGfam 573
- flat file 57
- FSSP 467
- GenBank 58
- Genomdatenbank 59
- Genome Sequence Archive 58
- GEO 581
- GOLD 59, 292
- GQuery 58
- HomFam 293
- HOMSTRAD 291
- Interpro 71
- KEGG 68, 609
- Metagenome 59
- MGNify 59
- MIBIG 71
- MikroRNA 59
- miRBase 59
- miRTarBase 59
- ModBase 638
- MODs 72
- NCBI 69
- Nucleic Acid Database (NDB) 61
- Nukleotidsequenz 58
- OMP 540
- Pathway Commons 609
- PDB 60, 478
- PDBSum 70
- PDBTM 527
- Pfam 66, 279, 373
- PISA 638
- PQS 638
- PrePPI 640
- PROSITE 221
- PubMed 608
- Pubmed 70
- Querverweis 57
- Reactome 72, 609
- RefSeq 59, 568
- Relation 72
- relationale 72
- Rfam 60, 566
- SCOP 63, 265, 369
- SEED 568
- SFLD 666
- SGD 72
- SILVA 570
- SkyBase 638
- SMART 62
- STRING 62, 620, 640
- SWISS-PROT 60
- TRANSFAC 72, 219
- TrEMBL 60
- UniProt 58, 60, 478
- UniRef90 434
- Datenreduktion 584
- Datensatz
 - linear separabler 399
 - QuanTest2 296
 - unausgeglichener 654
- DECIPHER 293
- Decoder 161
- Decodieren 351
- deduktiver Ansatz 490
- deep learning 150, 477
- DeepAlign 466
- DeepCpG 684
- Degeneriertheit des genetischen Codes 11
- Deletion 372
- DELTA-BLAST 271
- Dendrogramm 126
- De-novo-Strukturvorhersage 506
- Desoxyribose 6
- Dialign-T 289
- Diederwinkel 495
- differenziell exprimiertes Gen 583
- Dinukleotid 224
 - CG 335
 - Häufigkeit 335
- Dirichlet
 - Dichte 380
 - Gemisch 381
 - Mixtur 378
- diskrete zufällige Variable 91
- Diskriminantenfunktion 111
- Diskriminator, linearer 399
- Distanz 202, *siehe auch* Metrik
 - Kullback-Leibler 604

710 | *Stichwortverzeichnis*

- nach Kompression 413
 - semimetrische 592
 - divergente Evolution 215
 - DNA 6
 - cDNA 580
 - Chip-Datensatz 398
 - Chiptechnologie 579
 - Doppelhelix 7
 - Enhancer 13
 - GC-Gehalt 10
 - Hybridisierung 580
 - Hypersensitivität 689
 - junk 13
 - komplementäre 8
 - Langzeitspeicher 32
 - Methylierung 689
 - Reparatur 10
 - Schmelzen 579
 - Score 245
 - Sequenz 39
 - sequenzspezifische Bindung 579
 - Silencer 13
 - Tiling-Array 689
 - Transkriptionsfaktor 13
 - Übergangswahrscheinlichkeit 318
 - Wasserstoffbrückenbindung 10
 - DNA-Expressionswert, Normierung 584
 - DNA-Methylierung 684
 - DNS 6
 - Docking-Verfahren 626
 - Domäne
 - GuKc 23
 - PDZ 23
 - SH3 23
 - Zink-Finger 220
 - DOPE 503
 - Doppelhelix 7
 - Dotplot 191
 - Laufzeit 194
 - Vergleich von Genomen 195
 - Dotter 195
 - Dropout 155
 - Drosophila melanogaster* 546
 - Dualität 202
 - dynamisches Programmieren 200, 284, 379
- E**
- E-Wert 253, 260
 - EBI 58
 - EC-Nummer 45
 - Editieraufwand 206
 - Eigenschaft, informative 655
 - Eigenvektor 595
 - Eigenwert 595
 - Ein-Farben-Microarray 580
 - Eingabesequenz 198
 - Einzelbasenaustausch 690
 - Einzelzell-RNA-Sequenzierung 591
 - Elastase 501
 - EMBL Flat-file-Format 59
 - Emissionsalphabet 344
 - Emissionswahrscheinlichkeit 344, 371, 377
 - Empfindlichkeit
 - BLAST 264
 - FASTA 264
 - Konsensusverfahren 270
 - Profilverfahren 270
 - Sequenzvergleichsmethode 269
 - empirisches Risiko 420
 - ENCODE 545, 686
 - Encoder 161
 - Energie
 - kinetische 518
 - potenzielle 518
 - Enhancer 597
 - Entropie 243
 - Matrixentropie 243
 - relative 243, 297
 - shannonsche 297
 - Transinformation 297
 - Entropiemaximierung 662
 - Entscheidungsbaum 647
 - Entscheidungsfunktion 399
 - Enzym 26
 - Enzymdesign 515, 517
 - Enzyme Commission 45
 - Enzyme Function Initiative 670
 - Epigenetik 335
 - Erregungsschwelle 137
 - Erwartungswert 92, 253, 259
 - Log-Likelihood-Verhältnis 244

- erweiterter Zustandsgraph 345
 erzeugende Funktion 360
Escherichia coli 10, 549, 617, 618
 Eselspinguin 699
 Euchromatin 671
 Eukaryont 30
 euklidische Distanz 203
 EULER 558
 Eulerkreis 558
 European Bioinformatics Institute 58
 European Nucleotide Archive 58
 evolutionärer Prozess 28
 Evolutionstheorie 305
 darwinsche 28
 Exon 355
 Exon-Skipping 588
 expectation maximisation 353
 Algorithmus 322
 Exponentialverteilung 95
 Extremwertverteilung 260
- F**
- false discovery rate 639
 faltendes neuronales Netz 153
 Faltung 154
 Faltungskern 154
 β -Fass 528
 FAST 463
 FASTA 250
 Empfindlichkeit 264
 Erwartungswert 253
 initiale Region 252
 initn 252
 k -tupel 250
 FASTA-Format 40
 FDR 639
 feature table 59
 Feed-forward-Netz 397
 Fehlannotation 566
 Fehler
 erster Art 100
 zweiter Art 100
 Fehlerfortpflanzung, transitive 566
 Fehlerquadrat, mittleres 120, 595
 Fehlerrate 131
 Fermi-Funktion 137
 FGS-Assembler 553
 FIGfam 573
 FILM 541
 Filter, low complexity 530
 finite Markov-Kette 336
 FINSI 289
 first-generation sequencing 547
 Fisher-Kernel 412
 Fitnessfunktion 171
 Fixpunkt 601
 Fluoreszenzfarbstoff 580
 FN 417
 FoldX 517
 Force 666
 FP 417
 FPR 113
 Fragmentinsertion 506
 freies Modellieren 480
 FRpred 297
 Fr-TM-align 461
 frühzeitiges Abbrechen 249
 FSSP-Datenbank 467
 FUGUE 291
 fully connected layer 155
 Funktion
 argmax 107
 erzeugende 360
 Fermi-Funktion 137
 Fitnessfunktion 171
 Gauß-Funktion 149
 Kapazität 421
 Kernel 407
 konjugierte 675
 logistische 137
 Softplus 152
 Funktionszuweisung 255
- G**
- ganzzahlige Optimierung 447
 GATA-Zink-Finger 220
 Gattung 31
 Gauß
 Kerndichteschätzer, links
 abgeschnitten 603
 Gauß-Kern 498
 Gauß-Kernel 410
 GC-Gehalt 10
 Gedächtnislosigkeit 96

712 | *Stichwortverzeichnis*

- Gen 9
 - differenziell exprimiertes 583
 - hsp70* 572
 - mutY* 10
 - Nachbarschaft 622
 - ortholog 68
 - paralog 68
 - Pax6* 215
 - Produkt 37
 - recA* 572
 - stark exprimiertes 44
 - tetR* 567
 - GenBank 58
 - gene silencer 438
 - gene silencing 672
 - GeneMarkS 568
 - Generalisieren 115, 148
 - generalisiertes lineares Modell 590
 - Generalisierungstheorie 420
 - generatives Modell 345
 - genetischer Algorithmus 171
 - Einfügeoperator 180
 - Limitationen 179
 - Reproduktion 178
 - Schema 176
 - Schematheorem 177
 - genetischer Code 8
 - bevorzugte Codonen 11
 - Codon 8
 - Degeneriertheit 11
 - genetisches Programmieren 180
 - Genexpressionsdaten
 - Auswertung 583
 - Clusteralgorithmus 586
 - Replikat 586
 - Sonde 580
 - Target 580
 - Genexpressions-Profiling 605
 - Genfolge 622
 - Genfusion 567, 619
 - GENMARK 341
 - Genom 31
 - Annotation 565
 - Browser 546
 - Referenz 558
 - Vergleich 195
 - Genomik 31, 545
 - genomischer Kontext 567, 666
 - Genomprojekt 545
 - Gen-Ontologie 46
 - Baum 46
 - Genotyp 30, 173
 - Genprodukt 37
 - Gentransfer, horizontaler 546
 - Genus 31, 303
 - Genvorhersage 340, 565
 - GEO 581
 - geometrische Verteilung 88
 - German Phrase Book 53
 - Gesamtkosten 202
 - Gibbs-Sampler 362
 - Glimmer 11
 - GLIMMER3 568
 - globale Parameter 430
 - globales
 - Minimum 455
 - Optimum 404, 455
 - Sequenzalignment 210
 - Glycin 16, 17, 227
 - Goldstandard 631
 - GO-Term 46
 - semantische Ähnlichkeit 48
 - GPU 610, 682
 - GQuery 58
 - Gradientenabstieg 122, 144, 151, 361
 - Gramfärbung 31
 - Grammatik, kontextfreie 566
 - Gram-Matrix 403
 - gramnegatives Bakterium 31, 363, 529
 - grampositives Bakterium 31
 - Graph
 - azyklischer 47
 - Gray-Code 176
 - Greedy-Algorithmus 314
 - Grid-Suche 419
 - Guanin 6
 - GuKc-Domäne 23
 - Gumbel-Verteilung 260
 - GxxxG-Motiv 529
- H**
- Haemophilus influenzae* 545
 - Hamilton-Funktion 518

- Hamming-Distanz 203
 - Hard Margin 403
 - Hashverfahren 250
 - Häufigkeit 82
 - Dinukleotid 335
 - Hauptkomponentenanalyse 594
 - heat map 606
 - hebbische Hypothese 135
 - α -helikales TMP 528
 - Helix 20
 - Hesse-Matrix 520
 - Heterochromatin 671
 - heterologe Expression 43
 - HGT 628
 - HHblits 393
 - HHsearch 386
 - Strukturvorhersage 393
 - hidden layer 136
 - Hidden-Markov-Kette 343
 - Alignment 387
 - Viterbi-Variable 346
 - Hidden-Markov-Modell 335, 343
 - Alignment zweier HMMs 387
 - Baum-Welch-Algorithmus 353
 - Definition 344
 - Deletion 372
 - Emissionswahrscheinlichkeit 344
 - Entwurf 354
 - Erkennen von CpG-Inseln 348
 - erweiterter Zustandsgraph 345
 - Grenzen 356
 - Insertion 372
 - Längenmodellierung 355
 - Profil-HMM 369
 - Struktur 370
 - Verwendung 356
 - Viterbi-Pfad 346
 - wahrscheinlichster Pfad 346
 - hierarchisches Clusterverfahren 126
 - complete linkage 127
 - Dendrogramm 126
 - high-scoring segment pair 256
 - Hintergrundwahrscheinlichkeit 235, 371, 387, 674
 - HisF 370
 - Histon 671
 - Histoncode 53
 - HMM *siehe* Hidden-Markov-Modell
 - HMMER 375, 392
 - HMM-Logo 66
 - HMMTOP 531
 - Hochdurchsatzmethode 579, 616, 690
 - Homo sapiens* 329
 - homolog 30, 326
 - Homologie 303
 - Homologiemodellierung 477
 - I-TASSER 504
 - Lückenschluss 509
 - MODELLER 499
 - Modellqualität 479
 - Target 477
 - Templat 477
 - horizontaler Gentransfer 44, 546, 628
 - HotKnots 445
 - Hotspot 250
 - HSP 256
 - Human Genome Project 700
 - humanes Prionprotein 230
 - Hybridisierung 580
 - hydrophober Tunnel 27
 - Hyperebene 177
 - Hypergeometrische Verteilung 87
 - hypergeometrischer Test 48, 610
 - Hypersensitivität 689
 - Hypothese 398
- I**
- ICA 596
 - Identitätsmatrix 237
 - Illumina X10 702
 - ILSVRC2015 156
 - Imputation 658
 - in vitro 32
 - in vivo 32
 - independent component analysis 596
 - Index 250
 - induktiver Ansatz 490
 - Infix 39
 - Informationsgehalt 243
 - Basenposition 9
 - Informationstheorie 243
 - Entropie 243
 - Kullback-Leibler-Divergenz 225, 231

714 | *Stichwortverzeichnis*

- informative Eigenschaft 655
- Inhomogenität 649
- Insertion 372
- Insertionselement 556
- integrales Membranprotein 527
- Interaktion 12
 - Atom-Atom 491
 - Protein-Protein 62, 615
- Interaktionsnetzwerk 598, 615
- Interaktom 615, 631
- InterPred 639
- Intron 355, 583
 - Längenverteilung 355
- inverse Proteinfaltung 483
- Inversion 197
- IPknot 445
- Iris versicolor* 649
- Irrfahrt 338
- ISA 597
- Isoform 589
- I-TASSER 504
- iteratives Clusterverfahren 121

- J**
- Jaccard-Ähnlichkeit 561
- jackhmmmer 537
- Jackknife-Verfahren 432
- Jalview 285
- Jensen-Shannon-Divergenz 297
- John von Neumann 230
- Jpred 434
- Jstacs 225
- JTT-Matrix 240
- junk DNA 13
- Jury
 - Entscheidung 431
 - Verfahren 289

- K**
- k*-Means-Clusterverfahren 120, 666
- k*-tupel 250
- Kalign 292
- Kalottenmodell 28
- kanonische Basenpaarung 438
- Kapazität 421
- Kasino, zeitweilig unehrliches 343
- Kern 154, 471
 - Gauß 498
 - von Mises 498
- Kerndichteschätzung 497
- Kernel 154, 407
 - Fisher 412
 - Funktion 407
 - Gauß 410
 - Lempel-Ziv-Welch 413
 - Matrix 408
 - Mismatch-String 410
 - MLP 416
 - Polynom 409
 - TPP 415
 - Trick 408
- kernel density estimation 497
- Kernel-Trick 635
- kinematic closure 509
- kinetische Energie 518
- Klassifikation 119, 303, 398
 - bayessche Formel 106
 - binäre 648
 - kladistische 307
 - k*-nächste-Nachbarn 132
 - label 104
 - leave one out 432
 - Likelihood 108
 - Marke 104
 - nächster Nachbar 130
 - naive bayessche 108
 - phänetische 307
- Klassifikationsfehler 115, 401
- Klassifikationsproblem 336, 398
 - Lösbarkeit 139
- Klassifikator 103
 - AUC 113
 - Güte 112
 - Kreuzvalidierung 116
 - Leave-one-out-Verfahren 116
 - Markov-Kette 337
 - Matthews Korrelationskoeffizient 115
 - MCC 115
 - naiver bayesscher 108, 298, 633
 - overfitting 112
 - Präzision 114
 - Recall 115

- schwacher 111
 - Sensitivität 113
 - Spezifität 113
 - Testdatensatz 112
 - Testfehler 115
 - Trainingsfehler 115
 - Überanpassung 112
 - kleine Trainingsmenge 117
 - kolmogoroffsches Axiom 89
 - Kolmogorov-Smirnov-Statistik 253
 - kombinatorische Optimierung 455
 - kompensierende Mutation 661
 - komplementärer Strang 8
 - Komplexitätsstatusvektor 228
 - Kompressionsdistanz 413
 - Konformationsenergie 489
 - Königsberger Brückenproblem 558
 - konjugiert
 - Funktion 675
 - Prior 381
 - Konkatenation 38
 - Konsensussequenz 223, 226, 376
 - Steiner-String 226
 - Konsensusymbol 226
 - Konserviertheit 297
 - Kontext, genomischer 567, 666
 - kontextfreie Grammatik 566
 - konvexes Optimierungsproblem 404
 - Korrelationskoeffizient
 - Matthews 417
 - partieller 664
 - pearsonscher 592, 621
 - korrelierte Mutation 624
 - Kostenfunktion, affine 213
 - Kovarianzmatrix 595
 - Kraftfeld 489, 521
 - CHARMM 500
 - semiempirisches 490
 - wissensbasiertes 490
 - Kreuzvalidierung 116, 419, 533
 - Kullback-Leibler-Divergenz 225, 231
- L**
- L3-Score 641
 - Lagrange-Multiplikator 405
 - Längenmodellierung 355
 - langes Kurzzeitgedächtnis 158
 - laplacesche Regel 352, 378
 - last universal common ancestor 331
 - LCA 48
 - Leave-one-out-Verfahren 116, 432
 - Leitbaum 284
 - Lennard-Jones-Potenzial 511
 - Lernalgorithmus 398
 - Lernen 119
 - überwachtes 397
 - unüberwachtes 119, 654
 - Lernschritt 144
 - Lerntheorie 403
 - Lernverfahren 397
 - selbstorganisierende Karte 148
 - Leseraster 9
 - offenes 9
 - Levenshtein-Distanz 204
 - Berechnen 206
 - LFC 590
 - LG-Matrix 320
 - Likelihood 97, 106
 - Likelihood-Verhältnis 108
 - lineare Separabilität 139, 167, 399
 - linearer Diskriminator 399
 - lineares Zuordnungsproblem 463
 - Linkage-Verfahren 127
 - Linker 671
 - Lipidschicht 527
 - LISP 182
 - LOESS 585
 - log fold change 590
 - logistic function 137
 - log-likelihood 352
 - Log-Odds-Score 387
 - log-sum-of-odds score 389
 - lokale Parameter 430
 - lokales
 - Minimum 172, 456
 - Optimum 352
 - Sequenzalignment 211
 - Lokalisationsproblem 336
 - Lookup-Tabelle 250
 - Lösungsmittelzugänglichkeit 298, 428
 - Berechnung 485
 - Low-Complexity-Filter 530
 - LTMG 603

716 | *Stichwortverzeichnis*

- Lückenschluss 509
- LZW-Kernel 413
- M**
- MAFFT 292
- magnetische Kernresonanz 659
- Mahalanobis-Distanz 587
- Makromolekül
 - DNA 6, 32
 - Protein 14
 - RNA 13
- MALIDUP 471
- MAMMOTH 415
- Manhattan-Distanz 120, 203
- MAP-Algorithmus 378
- Margin 400
 - Hard 403
 - Soft 404
- margin 653
- Marginalisieren 109
- Marginalverteilung 359
- Marke 104
- Markov-Kette 91
 - aperiodische 358
 - Definition 337
 - Eigenschaft 357
 - finite 336
 - höhere Ordnung 341
 - irreduzible 358
 - Klassifikator 337
 - nicht homogene 340
 - poorly mixing 361
 - reversible 358
 - Übergangsmatrix 357
 - Umkehrbarkeitsbedingung 358
 - well mixing 361
 - zeithomogene 344
 - Zustandsmenge 336
 - Zustandswechsel 336
- Markov-Ketten-Monte-Carlo-Verfahren 359
- Markov-Modell 337
 - Irrfahrt 338
 - Zustandsgraph 338
- Markov-Prozess 318, 319
 - gedächtnislos 337
 - zeithomogen 337
- maschinelles Lernen 110, 397
 - algorithmenunabhängiges Verfahren 110
 - label 398
 - Marke 104
- Mash 572
- Massenspektrometrie 657
- Massezentrum 505
- Match 205, 234
- Matrix 233
 - additive 309
 - BLOSUM 241
 - JTT 240
 - PAM 238
 - positiv semidefinit 408
 - ultrametrische 308
 - WAG 320
- Matrixentropie 243
- MATT 472
- Matthews-Korrelationskoeffizient 115, 417
- MAXHOM 430
- maximale Clique 463
- maximum expected accuracy 445
- Maximum-Likelihood-Ansatz 97
- Maximum-Likelihood-Methode 97
- Maximum-Parsimony-Baum 316
- MaxSub 393
- MCC 417
- McCaskill-Modell 448
- MCL 667
- M-Coffee 289
- MEA 444
- MEDELLER 541
- MEGA7 329
- Mehrheitsregel 226, 653
- Membranprotein
 - integrales 527
- MEMOIR 541
- MEMSAT-SVM 532
- Meningitis 545
- Mercer-Theorem 408
- Merkmalskarte, topologieerhaltende 150
- MeSH 608
- message passing 128
- metabolisches Subsystem 645

- Metabolit 32
 - Metabolomik 32
 - Metagenom 31, 44, 571
 - Metagenomik 570
 - Metataxonomie 570
 - Methanocaldococcus jannaschii* 566
 - Metrik 120, 202
 - euklidische 120
 - Hamming 203
 - Kullback-Leibler 604
 - Levenshtein 204
 - Mahalanobis 587
 - Manhattan 203
 - Manhattan-Distanz 120
 - Minkowski 203
 - semimetrische 592
 - Tanimoto-Metrik 120, 561
 - Metropolis-Algorithmus 456
 - Metropolis-Hastings-Algorithmus 360
 - Metropolis-Kriterium 456
 - MFOLD 439
 - MHAP 562
 - microRNA 438
 - MI-IPA 626
 - Mikrofossilien 331
 - Mikroorganismus 31
 - MinHash 561
 - Minimum
 - globales 455
 - lokales 172, 179, 456
 - Minkowski-Metrik 203
 - Minusmodell 348
 - miRNA 689
 - mirror-tree 627
 - Mismatch 206, 234
 - Mismatch-Nachbarschaft 412
 - Mismatch-String-Kernel 410
 - mittleres Fehlerquadrat 120, 121, 595
 - MLP-Kernel 416
 - mmCIF 683
 - MNase-seq 672
 - Mnemonic 40
 - Modell, generatives 345
 - MODELLER 499
 - Modellieren 198
 - freies 480
 - Protokoll 480
 - rigid body 481
 - templatbasiertes 477
 - ModFold6 504
 - molekulare Paläontologie 331
 - molekulare Uhr 305
 - Moleküldynamik 505
 - Moleküldynamiksimulationen 517
 - Monte-Carlo
 - Integration 359
 - Verfahren 506
 - moonlight zone 471
 - Motorproteine 517
 - MrBayes 329
 - mRNA 438
 - MSA 279
 - Multi-Head-Attention 164
 - Multiklassen-SVM 419
 - multiplies Sequenzalignment 279
 - Score 281
 - Multiplikator, Lagrange 405
 - MUSCLE 292
 - MUSTANG 472
 - MUSTER 483
 - Muster
 - phyletisches 63, 416
 - RNY 340
 - Mutation 173
 - akzeptierte 238
 - fixierte 305
 - kompensierende 624, 661
 - korrelierte 624
 - mutual information 447, 661
 - Mycoplasma genitalium* 623
- N**
- Nächster-Nachbar-Klassifikation
 - 130, 606
 - Näherungssatz
 - universeller 142
 - naiver bayesscher Klassifikator 108, 298, 633
 - National Center for Biotechnology Information (NCBI) 58
 - ncRNA 13, 566
 - nearest neighbor interchange 325
 - Nebenbedingung 287, 499

718 | *Stichwortverzeichnis*

- Needleman-Wunsch-Algorithmus 199
 - Neighbour-Joining Algorithmus 313
 - Neisseria meningitidis* 561
 - Neocognitron 152
 - NetsurfP 434
 - Netzwerk 597
 - Interaktion 598
 - regulatorisches 219, 570
 - netzwerkbasierendes Clustern 666
 - Neuron 135
 - neuronale Turing-Maschine 161
 - neuronales Netz 135, 431
 - Annotation 162
 - Architektur 136
 - Attention 161, 680
 - Ausgabeschicht 136
 - balanced training 432
 - biLSTM 161
 - CNN 153, 435
 - convolutional layer 154
 - Decoder 161
 - Dropout 155
 - Einbettung 166, 680
 - Eingabeschicht 136
 - Encoder 161
 - Ende-zu-Ende-Lernen 681
 - faltend 153
 - FC 435
 - fully connected layer 155
 - layer 136
 - Lernen 143
 - Lernphase 143
 - Lernschritt 144
 - LSTM 158, 434, 435, 448
 - Multi-Head-Attention 164
 - Neocognitron 152
 - neuronale Turing-Maschine 161
 - nicht sichtbare Schicht 136
 - Perzeptron 136
 - pooling layer 154
 - rekurrent 157
 - rekursives 536
 - ReLU 151
 - ResNet 156, 448, 677
 - RNN 157
 - Schicht 136
 - Self-Attention 163
 - shortcut 156
 - Single-Head-Attention 164
 - tiefe Architektur 150
 - Transformer 163, 680
 - Neyman-Pearson-Lemma 100, 340
 - NMR 659
 - Datensatz 61
 - NOE 659
 - nominale Daten 647
 - Normierung 584
 - Novikoff
 - Theorem von 401
 - NPS 676
 - N-Terminus 16
 - nuclear Overhauser effect 659
 - NucleoFinder 672
 - Nukleosom 671
 - Bindestelle 335
 - Positionierung 670
 - Nukleotid 6
 - Häufigkeit 335
 - Nullhypothese 235, 338
 - Nullmodell 266
- O**
- Occam's Razor *siehe* Ockhams
 - Rasiermesser
 - Ockhams Rasiermesser 420, 649
 - odds ratio 235
 - offenes Leseraster 9
 - OMP-Datenbank 540
 - O-Notation 194
 - Ontologie 45, 568, 702
 - kontrolliertes Vokabular 45
 - Relation 45
 - OOB 652
 - open reading frame 9, 340
 - operational taxonomic unit 570
 - Operon
 - trp 28
 - Optimierung 176
 - ganzzahlige 447
 - globales Optimum 455
 - kombinatorische 455
 - Optimierungsproblem, konvexes 404
 - Optimierungsverfahren, Einteilung 172

- Optimum
 globales 404, 455
 lokales 352
- ORF 9, 340
- Organismus
 Ackerschmalwinde 72
Ambystoma mexicanum 545
Arabidopsis thaliana 72, 602
Bacillus subtilis 10
Caenorhabditis elegans 546
Drosophila melanogaster 546
Escherichia coli 10, 549
 Eselspinguin 699
Haemophilus influenzae 545
 halophiler 10
Homo sapiens 329
Iris versicolor 649
Mycoplasma genitalium 623
Neisseria meningitidis 561
Petrophaga lorioti 545
Plasmodium falciparum 618
Saccharomyces cerevisiae 600, 618
Salmonella typhimurium 10
Synechococcus 329
 thermophiler 10
Xanthomonas citris 545
- orthogonaler Vektor 592
- ortholog 30, 68
- out of bag 652
- Outgroup 327
- overfitting 410
- P**
- paarweiser Sequenzvergleich 189
 affine Kostenfunktion 213
 Laufzeit 208
 Needleman-Wunsch-Algorithmus 199
- paarweises Alignment 390
- Palindrom 335
- PAM 238
 Einheit 238
 Matrix 238
- PAM250 239
- PANTHER 48
- Paradigma, zentrales 190
- Paradigmenwechsel 615
- paralog 30, 68, 326
- Parameter
 globale 430
 lokale 430
 Schätzen 351
- Parsimony-Baum 316
- Parsimony-Methode 314
- partieller Korrelationskoeffizient 664
- Pathogenitätsinsel 196
- PATRIC 570
- PCA 594
- PCMA 289
- PCR 281
- PDB 60, 478
- PDZ-Domäne 23
- pearsonscher Korrelationskoeffizient
 592, 621
- Peptidbindung 16
- Periplasma 529
- Perzeptron 136, 399, 400
- Petrophaga lorioti* 545
- Pfam 66, 373
- Pflanze, Stammbaum 306
- PGAP 568
- Phänotyp 30, 605
- PHD 429
- Phosphatrest 6
- Phosphodiesterbindung 335
- Phospholipid 527
- PHRAP 561
- Phred 552
- phyletisches Muster 416
- phyletisches Profil 620
- PhyloBayes 329
- PhyloCorrelate 621
- Phylogenie 305, *siehe auch* Taxonomie
 Ansatz 307
 A-posteriori-Wahrscheinlichkeit 328
 Bootstrapping 327
 distanzbasierte 307
 Grundannahmen 325
 Outgroup 327
- Phylum 31
- Phyre2 504
- pivot 472
- Plasmodium falciparum* 618
- Plusmodell 348

720 | *Stichwortverzeichnis*

- POA-global 289
 Poisson-Verteilung 260
 Polymerase-Kettenreaktion 281
 Polynom-Kernel 409
 pooling layer 154
 Pore 529
 positionsspezifische Scoring-Matrix 224
 positiv semidefinit 408
 Positive-Inside-Regel 530
 Potenzial, Lennard-Jones 511
 potenzielle Energie 518
 Präprozessieren 249
 Precision-Recall Kurve 114
 PredictProtein 433
 PRED-TMBB2 537
 PrePPI 637
 Primärstruktur 18
 principal component analysis 594
 Prinzipalkomponente 595
 Prior, konjugierter 381
 ProbCons 289
 Prodigal 568
 Profil 279, 369
 profilbasierte Vorhersage der
 2-D-Struktur 429
 Profil-HMM 369, 370
 Emissionswahrscheinlichkeit
 371, 377
 lokales Alignment 375
 Modell 376
 paarweises Alignment 390
 Pseudocount 378
 Rekursionsgleichung 374
 Struktur 373
 Übergangswahrscheinlichkeit 377
 Profiling 605
 PROF_SIM 392
 Programm
 3D-1D-Profile 484
 3D-Coffee 289
 3DCOMB 472
 agrep 220
 AlignMe 530
 AlphaFold 395, 677
 AlphaFold2 680
 AUGUSTUS 356
 BLAST 255
 BLASTX 573
 BOCTOPUS2 539
 Canu 564
 Clustal Omega 292
 ClustalW 283
 COMPASS 392
 ConQuass 504
 DALI 458
 DaliLite 460
 DART 588
 DECIPHER 293
 DeepAlign 466
 DeepCpG 684
 DELTA-BLAST 271
 DESeq2 590
 DESTINI 157
 Dialign-T 289
 DOPE 503
 Dotter 195
 EULER 558
 FAST 463
 FASTA 250
 FILM 541
 FINSI 289
 FoldX 517
 Force 666
 FRpred 297
 Fr-TM-align 461
 FUGUE 291
 GeneMarkS 568
 GENMARK 341
 Genome-Browser 546
 Glimmer 11
 GLIMMER3 568
 GOR 294
 GROMACS 520
 HHblits 393
 HHsearch 386
 HMMER 375, 392
 HMMTOP 531
 HotKnots 445
 InterPred 639
 IPknot 445
 ISA 597
 I-TASSER 504

- jackhmmmer 537
- Jalview 285
- Jpred 434
- Jstacs 225
- Kalign 292
- MAFFT 292
- MAMMOTH 415
- Mash 572
- MATT 472
- MAXHOM 430
- MaxSub 393
- MCL 667
- M-Coffee 289
- MEA 444
- MEDELLER 541
- MEGA7 329
- MEMOIR 541
- MEMSAT-SVM 532
- MFOLD 439
- MHAP 562
- MI-IPA 626
- MinHash 561
- MMseqs2 275
- MODELLER 499
- ModFold6 504
- MrBayes 329
- MUSCLE 289, 292
- MUSTANG 472
- MUSTER 483
- NetsurfP 434
- NPS 676
- NucleoFinder 672
- PANTHER 48
- PATRIC 570
- PCMA 289
- pEffect 363
- PGAP 568
- PHD 429
- PHRAP 561
- Phred 552
- PhyloBayes 329
- PhyloCorrelate 621
- Phyre2 504
- POA-global 289
- PredictProtein 433
- PRED-TMBB2 537
- ProbCons 289
- Prodigal 568
- PROF_SIM 392
- PROTOMAT 241
- PSI-Coffee 530
- PSICOV 663
- PSIPRED 298, 391
- QUBIC2 602
- RaptorX 504, 677
- RASTtk 568
- R-Coffee 301
- REPuter 556
- RNAalifold 448
- ROBETTA 505
- ROSETTA 505
- RoseTTAFold 682
- ROSETTA-MP 541
- RPS-BLAST 262
- SABLE 298
- SAM-T98 270
- SAP 291
- SDPpred 298
- Ska 638
- SPalignNS 462
- SPiCi 669
- SPINE 433
- SplitsTree 329
- SPOT-RNA 448
- STAM 530
- STAR 588
- StringTie 588
- T3_MM 363
- T-Coffee 286
- TemplateFilter 676
- TITER 683
- TMBpro 535
- TOPCONS2 534
- TopHat 588
- trROSETTA 679
- UCSC-Browser 689
- VAST 452
- Verify-3D 504
- Vienna-Package 438
- Programmieren, genetisches 180
- Programmiersprache 423
- progressives Superpositionieren 471

722 | *Stichwortverzeichnis*

- Prokaryont 30
 Promotor 12, 398, 597
 Score 224
 PROSITE-Datenbank 221
 Protein 14
 ($\beta\alpha$)₈-Fass 21
 2-D-Struktur 429
 allosterisches Signal 27
 Amidohydrolase 646
 backbone 16
 Bence-Jones 24
 CAP 22, 433, 437
 Chymotrypsin 501
 C-Terminus 16
 Domäne 64, 279
 Elastase 501
 Evolution 473
 Faltungstyp 64
 Familie 64
 β -Fass 528
 Funktionszuweisung 255
 α -helikales TMP 528
 Heterodimer 27
 HisF 21, 370
 Histon 671
 Homodimer 27
 hydrophober Tunnel 27
 Interface 103
 Kern 471, 500
 MAGI-1A 23, 62
 N-Terminus 16
 Primärstruktur 18
 Prionprotein 230
 Quartärstruktur 18
 Reaktionszentrum 27
 Rubisco 21
 Rückgrat 16
 SAP97 23
 Schleife 471
 Sekundärstruktur 18, 429
 Sekundärstrukturelement 19, 427
 Sequenz 39
 Strukturaufklärung 659
 Tertiärstruktur 18
 TrpA 27
 TrpB 27
 TrpC 26
 Tryptophansynthase 27, 28
 Protein-2-D-Struktur 18
 Vorhersage 427
 Protein-3-D-Struktur 18
 Superposition 452
 Vergleich 451
 Proteindesign 510
 Proteindomäne 22, 64, 279
 Proteinfaltung, inverse 483
 Proteinfamilie 23
 Protein-Interface 624
 Proteinkern 500
 Proteinkomplex 27
 Protein-Protein-Interaktion 62, 615
 Proteinstrukturaufklärung 659
 Proteom 615
 Proteomik 32
 PROTOMAT 241
 pruning 649
 Pseudobindung 467
 Pseudocount 84, 268, 298, 299, 352, 378,
 383, 532
 Pseudoknoten 439
 Pseudopotenzial 482
 PSI-BLAST 267, 392, 413
 PSI-Coffee 530
 PSICOV 663
 PSIPRED 298
 PSSM 267
 PubMed 608
 Punktmutation, akzeptierte 238
 Pyrimidin 6
 Python 423
- Q**
- QSAR Modell 150
 QuanTest2 296
 Quartärstruktur 18
 Quartett-Puzzle 323
 QUBIC2 602
 Query 198
- R**
- Ramachandran-Plot 17, 497
 Random Forest 363, 647
 random walk 172, 667

- RaptorX 504, 677
 RASTtk 568
 R-Coffee 301
 Read 549, 672
 receiver operating characteristic 112
 REF15 510
 Referenzgenom 558
 RefSeq 59, 568
 Regression 110, 139, 657
 regulärer Ausdruck 220
 regulatorisches Netzwerk 219, 570
 rekurrentes neuronales Netz 157
 Rekursionsgleichung 374
 rekursives neuronales Netz 536
 relative Entropie 243
 ReLU 151
 repetitives Element 556
 Replica Exchange 520, 521
 Repräsentationslernen 703
 Repressor 597
 Reproduktionsrate 174
 REPuter 556
 residual network 156
 Residuenposition 296
 Residuum 14, 104
 reverse engineering 701
 reverse Transkriptase 580
 reverses Komplement 8
 RF, angereicherter 655
 Rfam 566
 Ribonukleotid 436
 rigid body 500
 RMSD-Wert 453
 RNA 13
 microRNA 438
 mRNA 12, 438
 ncRNA 13, 566
 Polymerase 12
 Pseudoknoten 439
 reife 687
 rRNA 438
 Sekundärstruktur 439, 440
 Sequenz 438
 snoRNA 689
 Spleißen 583
 Synthese 12
 Tertiärstruktur 436
 Transkript 579
 tRNA 11, 438
 RNAalifold 448
 RNA-Editing 657
 RNA-Sekundärstruktur
 Vorhersage 436
 RNA-Sequenzierung 587
 RNY-Muster 340
 ROSETTA 505
 robuste Statistik 99
 ROC-Kurve 112, 630, 632
 ROCn-Kurve 273
 Röntgenkristallografie 659
 Datensatz 61
 ROSETTA 494, 505
 Energiefunktion 510
 inverser Rotamerbaum 516
 Proteindesign 510
 RosettaCommons 514
 RoseTTAFold 682
 ROSETTA-MP 541
 Rosettastein-Protein 619
 Rotamer 16, 495
 Rotamerbibliothek 494
 rückgratabhängige 496
 Routenplaner 200
 RPS-BLAST 262
 rRNA 438
 16S 304
 Rückmutation 305
 Rückwärtsalgorithmus 350
 Rückwärtsvariable 350
- S**
- SABLE 298
Saccharomyces cerevisiae 600,
 616–618, 631
Salmonella typhimurium 10
 Salzbrücke 27
 Sampling-Verfahren 485
 SAM-T98 270, 413
 SAP 291
 Satz von Atteson 314
 Satz von Bayes 90
 Scaffold 571
 Schätzen von Parametern 351

724 | *Stichwortverzeichnis*

- Schematheorem 177
- Schleife 471
- Schlupfen 227
- Schlupfvariable 401
- schwacher Klassifikator 110
- Schwellenwert 252
- Schwellenwertfunktion 137
- SCOP 24, 265
 - all-alpha 24
 - all-beta 24
- SCOP-20 391
- Score 210
 - Funktion 245
 - log-sum-of-odds 389
- Scoring-Matrix
 - Anforderung 237
 - BLOSUM62 241
 - Identitätsmatrix 237
 - PAM250 239
 - positionsspezifische 224, 267
- Scoring-Schema 233
 - additives 235
- sc-RNA-Seq 591
- SDPpred 298
- second-generation sequencing 547
- SEED 568, 645
- seed and extend 275
- SEG-Algorithmus 228
- segments overlap measure 538
- Sekretionssystem 363
- Sekundärstruktur 18, 19
 - β -Faltblatt 20
 - α -Helix 20
- Sekundärstrukturelement 427
- Selbstorganisation 149
- selbstorganisierende Karte 148
- semantische Ähnlichkeit 49
- semiempirisches Kraftfeld 490
- semimetrische Distanz 592
- Sensitivität 113
- Sequenz 37
 - Ähnlichkeit 190
 - Definition 38
 - intergenische 356
 - Konkatenation 38
 - Konsensus 226, 376
 - Logo 225
 - niedrige Komplexität 227
 - Präfix 39
 - Primärstruktur 37
 - Profil 222, 369
 - Suffix 39
 - Sequenzähnlichkeit 412
 - Sequenzalignment 200, 279
 - globales 210
 - lokales 211
 - Sequenzidentität 190
 - Sequenziertechnologie 546
 - Sequenzierung
 - Bisulfit 684
 - Shotgun 549
 - Sequenzmotive 219
 - Sequenzprofil 222
 - sequenzspezifische Bindung 579
 - Sequenzvergleich 304
 - Empfindlichkeit 269
 - paarweiser 189
 - profilbasierter 266
 - zentrales Paradigma 190
 - SFP 468
 - SGS-Assemblierer 558
 - SH3-Domäne 23
 - Shannon
 - Entropie 297
 - Informationsgehalt 225
 - Jensen-Shannon-Divergenz 297
 - Transinformation 297
 - shannonsche Informationstheorie 625
 - shortcut Verbindung 156
 - Shotgun-Sequenzierung 549
 - Signalpeptid 534
 - Signaltransduktion 607
 - Signalverzerrung 584
 - Signatur 220, 279
 - Algorithmus 598
 - Silencer 597
 - SILVA 570
 - similar fragment pair 468
 - simulated annealing 173, 361, 455
 - single nucleotide polymorphism 690
 - single point of failure 700
 - Single-Head-Attention 164

- Ska 638
 Slack-Variable 401
 sliding window 340, 343
 slippage 227
 Smith-Waterman-Algorithmus 199,
 249, 412
 snoRNA 689
 SNP 690
 Soft Margin 404
 Softplus-Funktion 152
 Solvationsenergie 489
 Sonde 580
 Spaghetticode 701
 SPalignNS 462
 Spanne 400
 Spezies 303
 Spezifität 113
 SPiCi 669
 spike-in 590
 SPiNE 433
 Spleißen 355
 alternatives 583
 Spleißstelle 355
 SplitsTree 329
 SPOT-RNA 448
 Spracherkennung 343
 SP-Score 462
 SSE (sum of squared error) 121
 Stacking-Interaktion 443
 STAM 530
 Stamm 31
 Stammbaum des Lebens 329
 Standardabweichung 92
 Standardnormalverteilung 94
 Startcodon 9
 Startwahrscheinlichkeit 358
 Statistik 82
 analytische 81
 beschreibende 81
 Kolmogorov-Smirnov 253
 robuste 99
 statistischer Test 235
 Alternativhypothese 235
 Chancenquotient 235
 Fehler erster Art 100
 Fehler zweiter Art 100
 Grundlagen 98
 hypergeometrischer 48
 Nullhypothese 235
 odds ratio 235
 Verbundwahrscheinlichkeit 235
 Steiner-Konsensusstring 226
 Stichprobe 81
 Stochastik 81
 absolute Häufigkeit 82
 additives Glätten 84
 Alpha-Fehler-Kumulierung 99
 Benjamini-Hochberg 606
 Binomialverteilung 86
 Bonferroni-Korrektur 606
 Erwartungswert 91
 frequency 83
 geometrische Verteilung 88
 Grundgesamtheit 81
 hypergeometrische Verteilung 87
 hypergeometrischer Test 610
 Kolmogorov-Smirnov-Statistik 253
 Likelihood-Funktion 97
 Markov-Ketten 335
 Maximum-Likelihood-Ansatz 97
 Modell 82
 Neyman-Pearson-Methode 100
 Nullhypothese 82
 occurrence 82
 probability 83
 Pseudocounts 84
 Randverteilung 86
 relative Häufigkeit 83
 Schätzer 96
 Statistik von Alignments 259
 Stichprobe 81
 stochastischer Prozess 336
 Summenhäufigkeitsfunktion 85
 Unabhängigkeit 89, 90
 Varianz 91
 Verteilungsfunktion 85
 Vorkommen 82
 Wahrscheinlichkeitsfunktion 85
 Zufallsvariable 84
 stochastischer Prozess 336
 Stoppcodon 9
 Strang, codogener 12

726 | *Stichwortverzeichnis*

- STRING 620
 - Structural-Genomics-Initiative 478
 - strukturell variable Region 509
 - Strukturvorhersage 393
 - de novo 506
 - Stützen 649
 - Stützvektor 405
 - Substitutionsmatrix 383
 - CLESUM 466
 - Suchmethode
 - Einteilung 172
 - random walk 172
 - Suffixarray 275
 - Suffixbaum, generalisierter 555
 - Superposition 452
 - Superpositionieren, progressives 471
 - Supersekundärstrukturelement 21
 - Support-Vektor 405
 - Support-Vektor-Maschine 363, 398
 - Multiklassen 419
 - theoretischer Hintergrund 420
 - Vapnik-Chervonenkis-Theorie 421
 - Verwendung 416
 - survival of the fittest 171, 189
 - SV 410
 - SVM 398
 - Symbiontentheorie 329
 - Symbol 38
 - Konsensus 226
 - synchronisierte Zellen 673
 - Synechococcus* 329
 - Systembiologie 31, 546
- T**
- t*-Test 656
 - T3-sekretierter Effektor 363
 - Tanimoto-Metrik 120, 561
 - Tape76 645
 - Target 477, 580
 - Taxon 303
 - Taxonomie 303
 - Art 303
 - Genus 303
 - Maximum-Likelihood 317
 - nearest neighbor interchange 325
 - Nomenklatur 31
 - Outgroup 327
 - Parsimony-Methode 314
 - Quartett-Puzzle 323
 - Reich 31
 - Spezies 303
 - T-Coffee 286
 - Teilwort 256
 - Templat 477
 - templatbasiertes Modellieren 477
 - TemplateFilter 676
 - Testfehler 115
 - Tetanustoxin 567
 - TGS-Assemblierer 561
 - Theorem
 - Mercer 408
 - Novikoff 401
 - Theorie
 - bayessche Entscheidungstheorie 103
 - Evolutionstheorie 305
 - Generalisierung 420
 - Lerntheorie 403
 - Scoring-Matrizen 234
 - shannonsche Informationstheorie 225
 - Vapnik-Chervonenkis 421
 - Theozym 515
 - third-generation sequencing 547
 - Threading 200, 478, 482
 - Thymin 6
 - tiefes Lernen 676
 - TITER 683
 - TMBpro 535
 - TM-Distanz 454
 - TM-Score 454
 - TN 417
 - tol-mirror-tree 629
 - TOPCONS2 534
 - Torsionswinkel 495
 - TP 417
 - TPP-Kernel 415
 - TPR 113
 - TPU 682
 - Traceback 210, 346, 379, 391, 442
 - Trainingsfehler 115
 - Trainingsmenge 119, 144
 - CpG-Insel 339
 - Trajektorie 519
 - TRANSFAC 219

- Transformer 163, 680
 Transinformation 297, 299, 447, 626, 661
 bedingte 662
 transitive Fehlerfortpflanzung 566
 Transkript 12
 Transkriptase, reverse 580
 Transkription 12
 Transkriptionsfaktor 13, 219, 689
 Transkriptionsmodul 597
 Transkriptom 579
 Transkriptomik 32, 579
 Translationseffizienz 43, 44
 Translokation 212
 Transmembranprotein 527
 Transposition 212
 Transversion 10, 197
 Triplet 8
 tRNA 11, 438
 trp-Operon 28
 trROSETTA 679
 Tryptophanbiosynthese 27
 twilight zone 300
 Typ-III-Sekretionssystem 363
 Tyrosin 18
- U**
- Überanpassung 112, 410
 Überdeckung 550
 Übergangsmatrix 357
 Übergangswahrscheinlichkeit 318, 377
 Übergangszustand 515
 überlappende Cluster 130
 überwachtes Lernen 397, 398
 UCSC-Browser 689
 Ultrametrikungleichung 311
 Umkehrbarkeitsbedingung 358
 unabhängige Beobachtung 268
 Unabhängigkeit 89
 unausgeglichener Datensatz 654
 unbalanced training 432
 Ungarische Methode 463
 Ungleichung, Cauchy-Schwarz 408
 UniProt 58
 unique molecular identifier 591
 UniRef90 434
 universelle Approximation 141
 universeller Näherungssatz 142
- unüberwachtes Lernen 654
 Uracil 12
 Urnenexperiment 86
 Urnenmodell 87
- V**
- Validierung 327
 Vapnik-Chervonenkis-Theorie 421
 Variable
 rückwärts 350
 VAST 452
 Vektor 107, 398
 orthogonaler 592
 Verbundwahrscheinlichkeit 235
 Vergleich 189
 Codonhäufigkeit 43
 Dicodonen 44
 Sequenzkomposition 41
 Verify-3D 504
 verschwindender Gradient 152, 158
 Verteilung
 Exponentialverteilung 95
 Extremwertverteilung 260
 geometrische 88, 355
 gleichverteilte 92
 Gumbel-Verteilung 260
 hypergeometrische 87
 Margin 400
 Standardnormalverteilung 94
 totalstetige 93
 Vienna-Package 438
 Vier-Punkte-Bedingung 310
 Viterbi
 Algorithmus 346, 388
 Pfad 346
 Training 354
 Variable 346
 von Mises-Kern 498
 Vorhersage 427, *siehe auch* Algorithmus
 Vorwärtsalgorithmus 350
- W**
- Wahrscheinlichkeit, bedingte 89
 Wahrscheinlichkeitsdichte 86
 Approximieren 380
 boltzmannsche 455
 Wahrscheinlichkeitsverteilung 84

728 | *Stichwortverzeichnis*

Wärmekarte 606
Wasserstoffbrücke 7
Wasserstoffbrückenbindung 10
 im β -Faltblatt 20
 in der α -Helix 20
Widerstandsbeiwert 699
wildcard 177
Wildtyp 605
Winkel
 psi 16
 Rotationswinkel 16
wissensbasiertes Kraftfeld 490
w-mer 256
Wrapper 182
Wundstarrkrampf 545

X

Xanthomonas citris 545
XML 61, 683

Y

Yeast-two-Hybrid-Verfahren 616

Z

Zähldichte 85
Zeichenkette 37
zeitweilig unehrliches Kasino 343
zentrales Paradigma 190
Zink-Finger 220
zirkadianischer Rhythmus 70
Z-Score 95, 586
Zufallsstichprobe 81
Zufallsvariable 84
 diskrete 85
Zufallsweg 667
Zustandsgraph 338
 erweiterter 338
Zustandsmenge 336
Zwei-Farben-Microarray 580

