

Inhaltsverzeichnis

I Klassische Taxonomie und Molekulare Biologie

1	Fundament der Bioinformatik: Klassische Systematik und Phylogenie	3
1.1	Was sind Arten?	5
1.2	Klassische Systematik (Taxonomie)	7
1.3	Der „richtige“ Stammbaum durch Parsimonie	27
1.4	Computerprogramme zur Ableitung von Stammbäumen	30
1.5	Ethnizität/„Rasse“/Diversität	31
	Zusammenfassung Kapitel 1 – Taxonomie und Phylogenetik	35
	Aufgaben Kapitel 1	37
2	Fundament der BIOinformatik: DNA und Proteine	41
2.1	Nukleinsäuren	43
2.2	Aminosäuren und Proteine	51
	Zusammenfassung Kapitel 2	69
	Aufgaben Kapitel 2: DNA/RNA und Proteine	72

II Prinzipien der Bioinformatik

3	Information für die BIOinformatik	75
3.1	Der Unterschied von Information und ihrer Bedeutung	77
3.2	Informationsquellen biologischer Information: Datenbanken	82
3.3	Wichtige Datenbanken für Gene und Proteine	84
3.4	PubMed eine wichtige Quelle für biomedizinische Information	86
3.5	Suche von DNA-/RNA-Sequenzen	87
3.6	Suche von Proteinen	89
	Zusammenfassung Kapitel 3 – Information	91
	Aufgaben Kapitel 3 – Information	92
4	Molekulare Homologie, die Basis der Bioinformatik	95
4.1	Voraussetzung für molekulare Homologie	97
4.2	Kriterien für Homologie von DNA- und Proteinsequenzen	101
	Zusammenfassung Kapitel 4 – Molekulare Homologie	105
	Aufgaben Kapitel 4 – Molekulare Homologie	106
5	Alignment, das Werkzeug zur Untersuchung von molekularen Homologien	109
5.1	Paarweises Alignment	112
5.2	Substitutionsmatrizen	123
5.3	Durchführung paarweiser Alignments	140
5.4	Heuristische Sequenzsuche in Datenbanken	146
5.5	Multiples Alignment	152

5.6	Alignment von 3-D-Strukturen.....	158
	Zusammenfassung Kapitel 5 – Alignment	162
	Aufgaben für Kapitel 5 – Alignment	165
6	Durchführung molekular-phylogenetischer Analysen	167
6.1	Molekulare Systematik: <i>DNA-Barcoding</i>	170
6.2	Molekulare Phylogenie: Sequenz ist nicht alles.....	173
6.3	Molekulare Uhr: <i>timing</i> ist alles	174
6.4	Ableitung von phylogenetischen Stammbäumen	176
6.5	Protein- oder Nukleotidsequenzen?	188
6.6	Schritte zur Ableitung einer molekularen Phylogenie	189
6.7	Genombasierte Phylogenien von Mikroorganismen	190
6.8	Ableitung molekularer Phylogenien von Viren	191
	Zusammenfassung Kapitel 6 – Molekulare Phylogenie	201
	Aufgaben Kapitel 6 – Molekulare Phylogenie.....	205
7	Moderne Anwendungen der Bioinformatik.....	209
7.1	Transcriptomics – Serial Analysis of Gene Expression (SAGE).....	211
7.2	Transcriptomics – <i>gene array</i>	213
7.3	Transcriptomics – <i>DNA microarrays</i>	216
7.4	Vorhersage von Genomstrukturen.....	223
7.5	Vorhersage der Sekundärstruktur von Proteinen.....	226
7.6	Vorhersage von Transmembranproteinen mit α -Helices.....	233
7.7	Vorhersage von Transmembranproteinen mit β -Faltblatt Strukturen	237
7.8	Vorhersage von Sekundärstrukturen von RNA.....	239
	Zusammenfassung Kapitel 7 – Moderne Methoden	240
	Aufgaben Kapitel 7 – Moderne Anwendungen	242
	Serviceteil	
	Anhang.....	246
	Literatur.....	270
	Stichwortverzeichnis.....	275