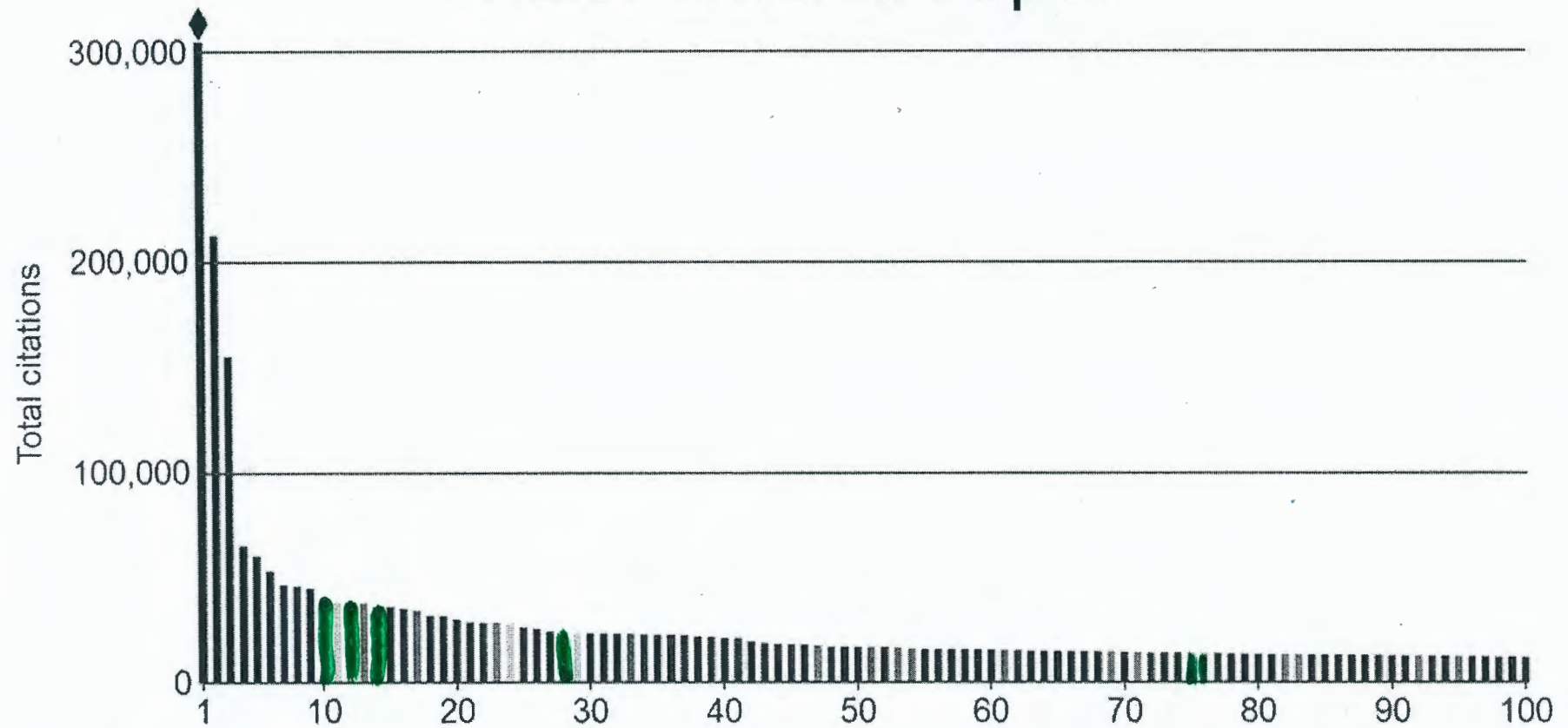
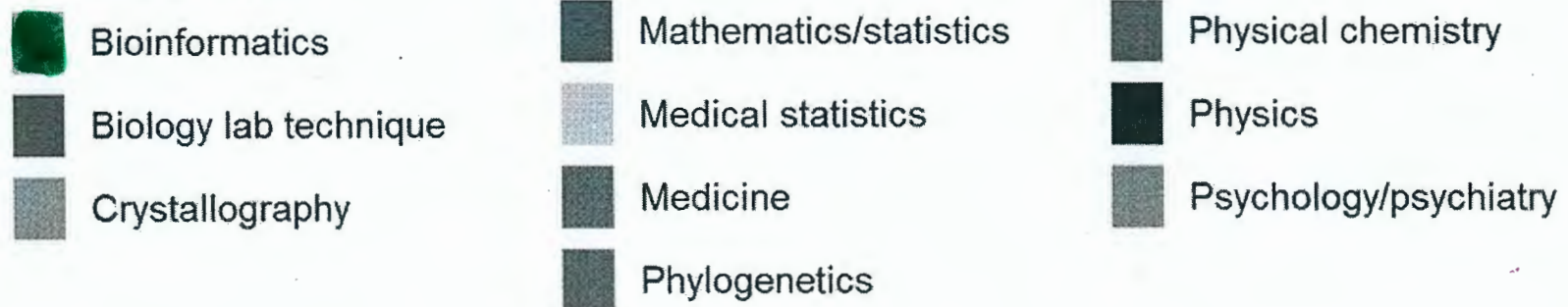


Meist-zitierte Paper



Discipline colour



Meist-zitierte Paper in der Bioinformatik

- S.F. Altschul, W. Gish, W. Miller, E.W. Myers, D.J. Lipman
Basic local alignment search tool
Journal of Molecular Biology, 1990. Ca. 56000 Zitate.
- S.F. Altschul, T.L. Madden, A.A. Schäffer, J. Zhang, Z. Zhang, W. Miller and D.J. Lipman
Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs
Nucleic Acids Research, 1997. Ca. 56000 Zitate.
- J.D. Thompson, D.G. Higgins and T.J. Gibson
CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice
Nucleic Acids Research, 1994. Ca. 52000 Zitate.

Meist-zitierte Paper in der Bioinformatik

- D. Posada and K.A. Crandall

- **MODELTEST: testing the model of DNA substitution**

Bioinformatics, 1998. Ca. 18000 Zitate.

- R. A. Laskowski, M. W. MacArthur, D. S. Moss and J. M. Thornton

- **PROCHECK: a program to check the stereochemical quality of protein structures**

Journal of Applied Crystallography, 1993. Ca. 18000 Zitate.

- F. Ronquist and J.P. Huelsenbeck

- **MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models**

Bioinformatics, 2003. Ca. 17000 Zitate.


- W Humphrey, A Dalke, K Schulten

- **VMD: visual molecular dynamics**

Journal of Molecular Graphics, 1996. Ca. 17000 Zitate.

Meist-zitierte Paper in der Bioinformatik

- J.P. Huelsenbeck and F. Ronquist

 **MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees**
Bioinformatics, 2001. Ca. 15000 Zitate.

- P. J. Kraulis

MOLSCRIPT: a program to produce both detailed and schematic plots of protein structures
Journal of Applied Crystallography, 1991. Ca. 15000 Zitate.

- M.A. Larkin, G. Blackshields, N.P. Brown, R. Chenna, P.A. McGettigan, H. McWilliam, F. Valentin, I.M. Wallace, A. Wilm, R. Lopez, J.D. Thompson, T.J. Gibson and D.G. Higgins

Clustal W and Clustal X version 2.0

Bioinformatics, 2007. Ca. 14000 Zitate.

Zum Vergleich

- International Human Genome Sequencing Consortium
Initial sequencing and analysis of the human genome
Nature, 2001. Ca. 19000 Zitate.
- J. C. Venter, et al. (ca. 250 Autoren)
The Sequence of the Human Genome
Science, 2001. Ca. 14000 Zitate.



Struktur (NMR, Kristallogr.)

Alignments

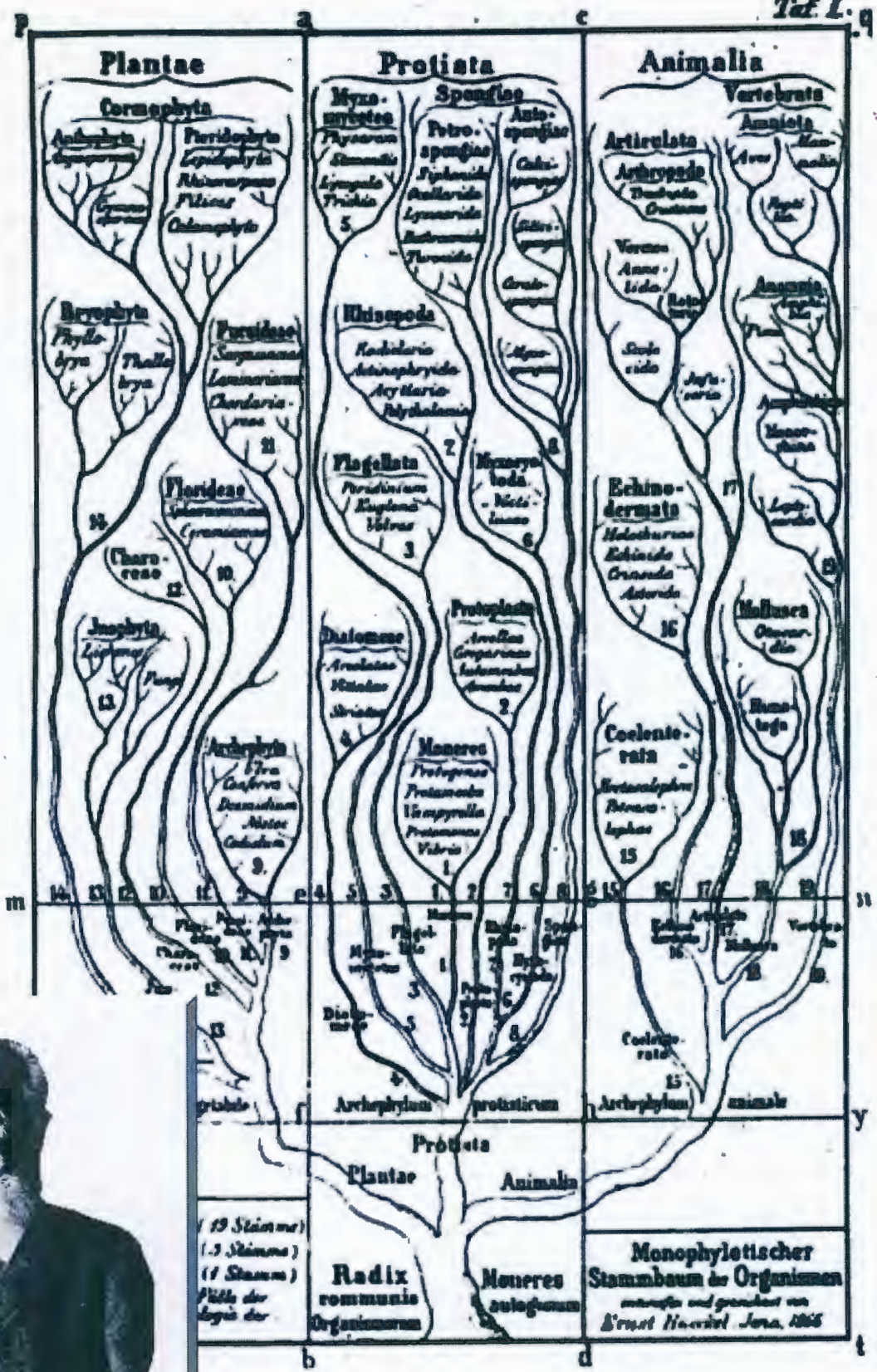
Phylogenetik

Title	Journal	Year	Lit. Cites	All cites
• A short history of SHELX	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION A	2008	47516	47753
• CLUSTAL-W - IMPROVING THE SENSITIVITY OF PROGRESSIVE MULTIP NUCLEIC ACIDS RESEARCH	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	1994	42995	44305
• Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	1997	40205	41341
• The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategies for multiple se	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	1997	26437	28125
• Efficient iterative schemes for ab initio total-energy calculations usin	PHYSICAL REVIEW B	1996	25032	25296
• MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software v	MOLECULAR BIOLOGY AND EVOLUTION	2007	20470	22162
• MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum L	MOLECULAR BIOLOGY AND EVOLUTION	2011	19098	20189
• Efficiency of ab-initio total energy calculations for metals and semico	COMPUTATIONAL MATERIALS SCIENCE	1996	16289	16441
• Crystallography & NMR system: A new software suite for macromole	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-BIC	1998	15269	15335
• MODELTEST: testing the model of DNA substitution	BIOINFORMATICS	1998	15034	15655
• MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models	BIOINFORMATICS	2003	14638	15119
• The Protein Data Bank	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	2000	14420	14760
• VMD: Visual molecular dynamics	JOURNAL OF MOLECULAR GRAPHICS & MO	1996	13602	13748
• Coot: model-building tools for molecular graphics	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-BIC	2004	13302	13376
• MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees	BIOINFORMATICS	2001	12484	12913
• Inference of population structure using multilocus genotype data	GENETICS	2000	11918	12314
• Single-crystal structure validation with the program PLATON	JOURNAL OF APPLIED CRYSTALLOGRAPHY	2003	11361	11401
• Clustal W and clustal X version 2.0	BIOINFORMATICS	2007	11348	11726
• Refinement of macromolecular structures by the maximum-likelihoo	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION D-BIC	1997	10726	10774
• MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high t	NUCLEIC ACIDS RESEARCH	2004	10471	10702
• Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns	PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEM'	1998	9943	10235
• MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics ana	BRIEFINGS IN BIOINFORMATICS	2004	9676	10688
• A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies	SYSTEMATIC BIOLOGY	2003	9043	9223
• The Cambridge Structural Database: a quarter of a million crystal str	ACTA CRYSTALLOGRAPHICA SECTION B-STR	2002	8982	9102
• Arlequin (version 3.0): An integrated software package for populatio	EVOLUTIONARY BIOINFORMATICS	2005	8634	9118
• Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps	BIOINFORMATICS	2005	8108	8247
• NMRPIPE - A MULTIDIMENSIONAL SPECTRAL PROCESSING SYSTEM B	JOURNAL OF BIOMOLECULAR NMR	1995	7860	7894
• UCSF chimera - A visualization system for exploratory research and a	JOURNAL OF COMPUTATIONAL CHEMISTRY	2004	7659	7738
• SIR97: a new tool for crystal structure determination and refinement	JOURNAL OF APPLIED CRYSTALLOGRAPHY	1999	7599	7640
• PLINK: A tool set for whole-genome association and population-base	AMERICAN JOURNAL OF HUMAN GENETICS	2007	7538	7701

Wren, Bioinformatics (2016)

Kreationismus

Und Gott sprach: Lasset uns Menschen machen, ein Bild, das uns gleich sei, die da herrschen über die Fische im Meer und über die Vögel unter dem Himmel und über das Vieh und über alle Tiere des Feldes und über alles Gewürm, das auf Erden kriecht. Und Gott schuf den Menschen zu seinem Bilde, zum Bilde Gottes schuf er ihn; und schuf sie als Mann und Frau. [...] Und Gott sah an alles, was er gemacht hatte, und siehe, es war sehr gut. Da ward aus Abend und Morgen der sechste Tag. (*Genesis 1, 26–31*)



Ernst Haeckel (1834 - 1919)

Mendelsche Gesetze

Gregor Mendel
(1809 – 1882)



1. Uniformitätsgesetz

Wenn zwei reinerbige Rassen ("Eltern" oder Parentalgeneration, P) miteinander gekreuzt werden, so sind die Nachkommen der ersten Generation ("Kinder" oder erste Filialgeneration, F1) alle gleich.

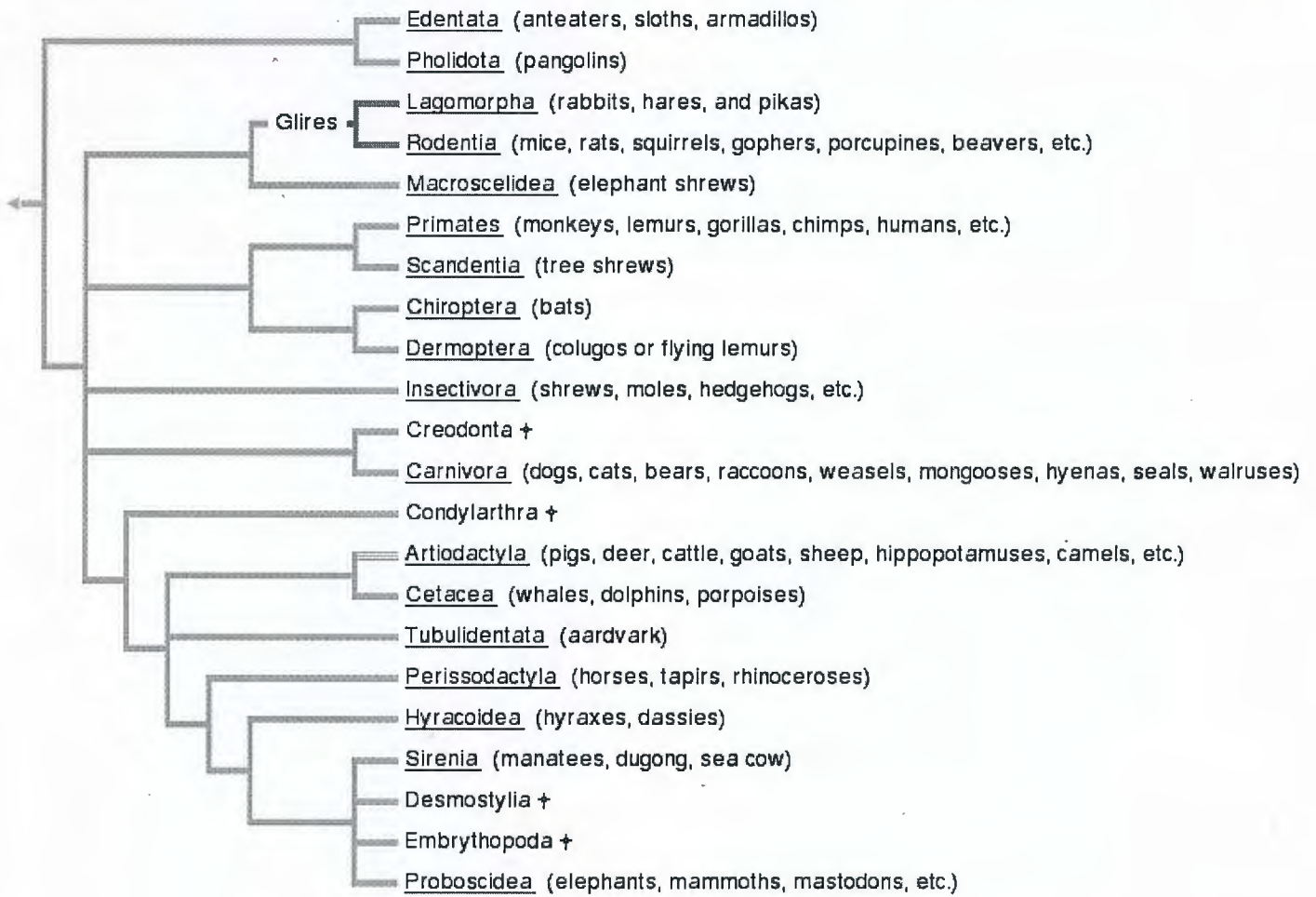
2. Spaltungsgesetz

Wenn die erste Nachkommengeneration untereinander gekreuzt wird, so sind die Individuen der zweiten Generation ("Enkel" oder zweite Filialgeneration, F2) nicht mehr alle gleich, sondern weisen wieder die Merkmale der Elterngeneration in bestimmten Zahlenverhältnissen auf.

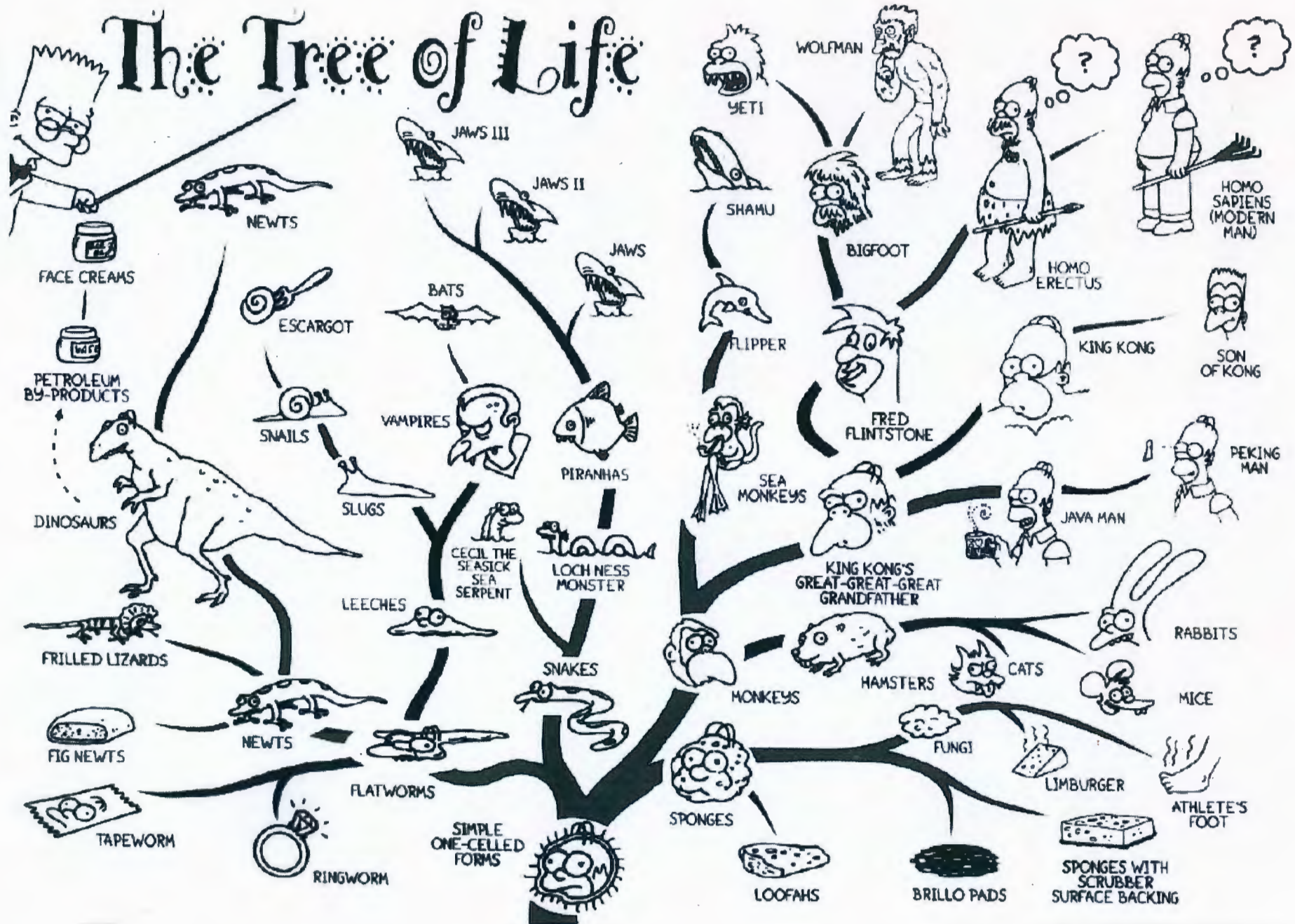
3. Unabhängigkeitsgesetz / Rekombinationsgesetz

Zwei Merkmale werden getrennt voneinander vererbt, wobei ab der 2. Generation ("Enkel") neue, reinerbige Kombinationen auftreten können. Dieses Gesetz gilt allerdings nur dann, wenn die für die Merkmale verantwortlichen Gene auf verschiedenen Chromosomen sitzen.

Eutheria (Placental Mammals)

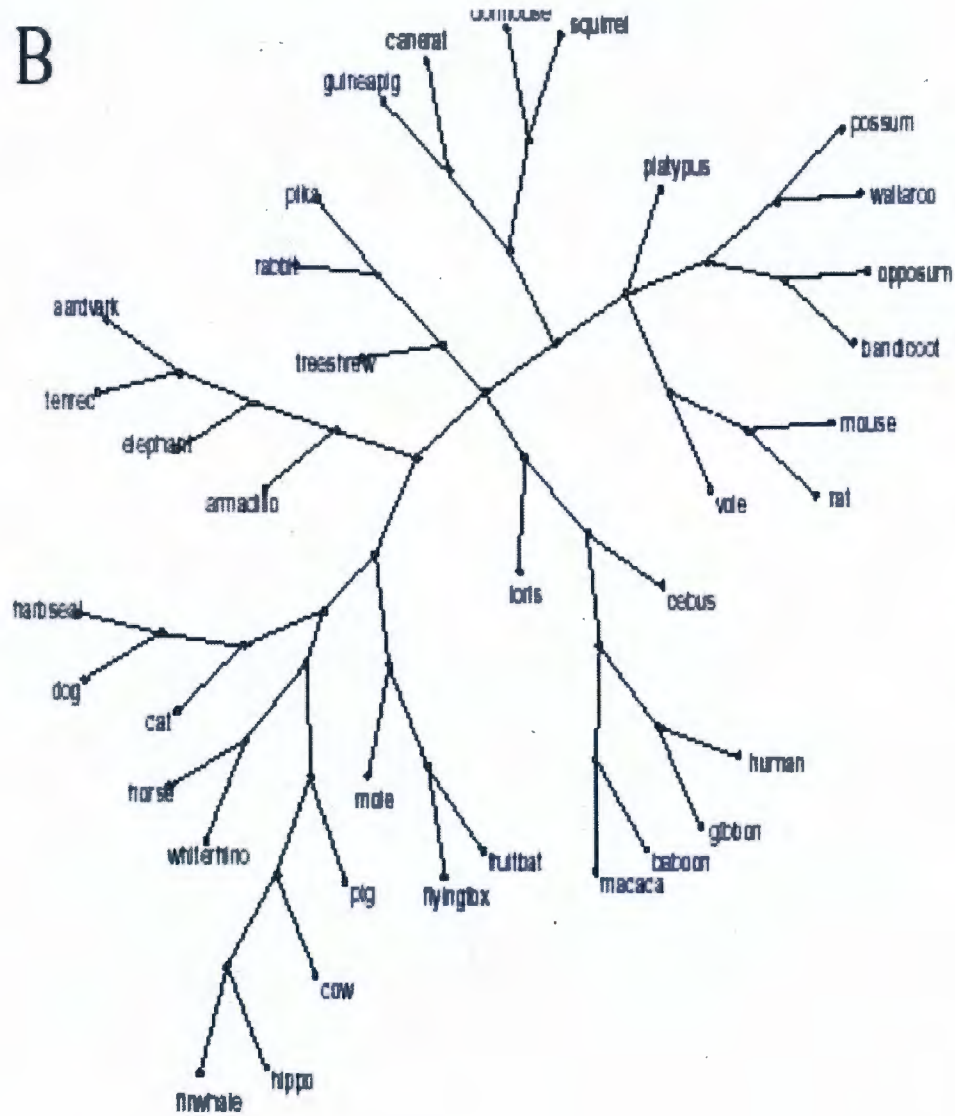


The Tree of Life



Phylogenetische Netze

B



C

