

Bioinformatik und medizinische Bildverarbeitung

Mit Debian Med Aufgaben in Bioinformatik und der
medizinischen Bildverarbeitung lösen

Andreas Tille

Debian

Chemnitz, 12. März 2017

- 1 Historisches
- 2 Debian Pure Blends
- 3 Testen für wissenschaftliche Anwendung
- 4 Support
- 5 Bioinformatik
- 6 Medizinische Bildverarbeitung
- 7 Ausblick

Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbei-
tung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbei-
tung

Ausblick



Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

Testen für wissenschaftliche
Anwendung

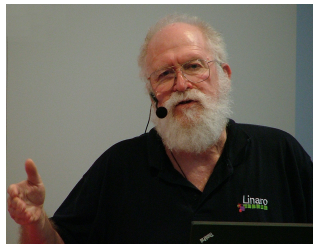
Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbeitung

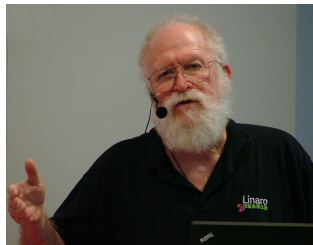
Ausblick





| After 15 years people are starting to use what I'm working on.

John Only 15 years? You young guys should be more patient. I should hurry up since after 15 years I might be dead but you have so much time.



I After 15 years people are starting to use what I'm working on.

John Only 15 years? You young guys should be more patient. I should hurry up since after 15 years I might be dead but you have so much time.

Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbei-
tung

Ausblick

Weil es möglich ist → Do-ocracy

Ein Paket ist ein Archiv von Dateien und Metadaten:

- sofort lauffähige Software
- Metainformation zur Definition von Abhängigkeiten
- Dokumentation
- Beispiele für die Anwendung

→ *Installation per Mausklick auf
beliebiger Anzahl von Computern*

Ein Paket ist ein Archiv von Dateien und Metadaten:

- sofort lauffähige Software
- Metainformation zur Definition von Abhängigkeiten
- Dokumentation
- Beispiele für die Anwendung

→ *Installation per Mausklick auf
beliebiger Anzahl von Computern*

Ein Paket ist ein Archiv von Dateien und Metadaten:

- sofort lauffähige Software
- Metainformation zur Definition von Abhängigkeiten
- Dokumentation
- Beispiele für die Anwendung

→ *Installation per Mausklick auf
beliebiger Anzahl von Computern*

Ein Paket ist ein Archiv von Dateien und Metadaten:

- sofort lauffähige Software
- Metainformation zur Definition von Abhängigkeiten
- Dokumentation
- Beispiele für die Anwendung

→ *Installation per Mausklick auf
beliebiger Anzahl von Computern*

Ein Paket ist ein Archiv von Dateien und Metadaten:

- sofort lauffähige Software
- Metainformation zur Definition von Abhängigkeiten
- Dokumentation
- Beispiele für die Anwendung

*→ Installation per Mausklick auf
beliebiger Anzahl von Computern*

- Debian > 50000 Pakete
- Biologen & Mediziner brauchen nur sehr kleine spezifische *Untermenge*
- Leichte Installation + Konfiguration dieser Untermenge
- Automatische Installation → Cloud
- Dokumentation und Metadaten zur Software (Publikationen, Screenshots, Übersetzungen)
- Vollständig integriert in Debian → **kein „Fork“**

*Grundidee: Keine separate Distribution
sondern Debian für spezifische Lösungen
in Medizin und Biologie anpassen*

- Debian > 50000 Pakete
- Biologen & Mediziner brauchen nur sehr kleine spezifische *Untermenge*
 - Leichte Installation + Konfiguration dieser Untermenge
 - Automatische Installation → Cloud
 - Dokumentation und Metadaten zur Software (Publikationen, Screenshots, Übersetzungen)
 - Vollständig integriert in Debian → **kein „Fork“**

*Grundidee: Keine separate Distribution
sondern Debian für spezifische Lösungen
in Medizin und Biologie anpassen*

- Debian > 50000 Pakete
- Biologen & Mediziner brauchen nur sehr kleine spezifische *Untermenge*
- Leichte Installation + Konfiguration dieser Untermenge
- Automatische Installation → Cloud
- Dokumentation und Metadaten zur Software (Publikationen, Screenshots, Übersetzungen)
- Vollständig integriert in Debian → **kein „Fork“**

*Grundidee: Keine separate Distribution
sondern Debian für spezifische Lösungen
in Medizin und Biologie anpassen*

- Debian > 50000 Pakete
- Biologen & Mediziner brauchen nur sehr kleine spezifische *Untermenge*
- Leichte Installation + Konfiguration dieser Untermenge
- Automatische Installation → Cloud
- Dokumentation und Metadaten zur Software (Publikationen, Screenshots, Übersetzungen)
- Vollständig integriert in Debian → **kein „Fork“**

*Grundidee: Keine separate Distribution
sondern Debian für spezifische Lösungen
in Medizin und Biologie anpassen*

- Debian > 50000 Pakete
- Biologen & Mediziner brauchen nur sehr kleine spezifische *Untermenge*
- Leichte Installation + Konfiguration dieser Untermenge
- Automatische Installation → Cloud
- Dokumentation und Metadaten zur Software (Publikationen, Screenshots, Übersetzungen)
- Vollständig integriert in Debian → **kein „Fork“**

*Grundidee: Keine separate Distribution
sondern Debian für spezifische Lösungen
in Medizin und Biologie anpassen*

- Debian > 50000 Pakete
- Biologen & Mediziner brauchen nur sehr kleine spezifische *Untermenge*
- Leichte Installation + Konfiguration dieser Untermenge
- Automatische Installation → Cloud
- Dokumentation und Metadaten zur Software (Publikationen, Screenshots, Übersetzungen)
- Vollständig integriert in Debian → **kein „Fork“**

*Grundidee: Keine separate Distribution
sondern Debian für spezifische Lösungen
in Medizin und Biologie anpassen*

- Debian > 50000 Pakete
- Biologen & Mediziner brauchen nur sehr kleine spezifische *Untermenge*
- Leichte Installation + Konfiguration dieser Untermenge
- Automatische Installation → Cloud
- Dokumentation und Metadaten zur Software (Publikationen, Screenshots, Übersetzungen)
- Vollständig integriert in Debian → **kein „Fork“**

*Grundidee: Keine separate Distribution
sondern Debian für spezifische Lösungen
in Medizin und Biologie anpassen*

- Software hängt in der Regel von der Verfügbarkeit anderer Software ab
- Beispiele:
 - Java-Run-Time, gemeinsam genutzter Code (sogenannte Bibliotheken)
 - Java-Code, der auf Java-Code basiert, hängt ab von Assembly-Code, etc.
- Paketiersystem sichert die Verfügbarkeit aller Abhängigkeiten ohne zusätzliche Maßnahmen
- ... zumindest bei modernen Linux Distributionen

- Software hängt in der Regel von der Verfügbarkeit anderer Software ab
- Beispiele:
 - Java-Run-Time, gemeinsam genutzter Code (sogenannte Bibliotheken)
 - Bioinformatik-Pipeline hängt ab von Assembler, Mapper, etc.
- Paketiersystem sichert die Verfügbarkeit aller Abhängigkeiten ohne zusätzliche Maßnahmen
- ... zumindest bei modernen Linux Distributionen

- Software hängt in der Regel von der Verfügbarkeit anderer Software ab
- Beispiele:
 - Java-Run-Time, gemeinsam genutzter Code (sogenannte Bibliotheken)
 - Bioinformatik-Pipeline hängt ab von Assembler, Mapper, etc.
- Paketiersystem sichert die Verfügbarkeit aller Abhängigkeiten ohne zusätzliche Maßnahmen
- ... zumindest bei modernen Linux Distributionen

- Software hängt in der Regel von der Verfügbarkeit anderer Software ab
- Beispiele:
 - Java-Run-Time, gemeinsam genutzter Code (sogenannte Bibliotheken)
 - Bioinformatik-Pipeline hängt ab von Assembler, Mapper, etc.
- Paketiersystem sichert die Verfügbarkeit aller Abhängigkeiten ohne zusätzliche Maßnahmen
- ... zumindest bei modernen Linux Distributionen

- Software hängt in der Regel von der Verfügbarkeit anderer Software ab
- Beispiele:
 - Java-Run-Time, gemeinsam genutzter Code (sogenannte Bibliotheken)
 - Bioinformatik-Pipeline hängt ab von Assembler, Mapper, etc.
- Paketiersystem sichert die Verfügbarkeit aller Abhängigkeiten ohne zusätzliche Maßnahmen
- ... zumindest bei modernen Linux Distributionen

- Software hängt in der Regel von der Verfügbarkeit anderer Software ab
- Beispiele:
 - Java-Run-Time, gemeinsam genutzter Code (sogenannte Bibliotheken)
 - Bioinformatik-Pipeline hängt ab von Assembler, Mapper, etc.
- Paketiersystem sichert die Verfügbarkeit aller Abhängigkeiten ohne zusätzliche Maßnahmen
- ... zumindest bei modernen Linux Distributionen

- erzeugt aus dem Quellcode
- ermöglicht wissenschaftliche Validierung
- getestet zum Zeitpunkt der Paketerstellung
- regelmäßige Tests zur Reproduktion erwarteter Resultate
- ... zumindest bei der Verwendung von Debian Paketen

- erzeugt aus dem Quellcode
- ermöglicht wissenschaftliche Validierung
- getestet zum Zeitpunkt der Paketerstellung
- regelmäßige Tests zur Reproduktion erwarteter Resultate
- ... zumindest bei der Verwendung von Debian Paketen

- erzeugt aus dem Quellcode
- ermöglicht wissenschaftliche Validierung
- getestet zum Zeitpunkt der Paketerstellung
- regelmäßige Tests zur Reproduktion erwarteter Resultate
- ... zumindest bei der Verwendung von Debian Paketen

- erzeugt aus dem Quellcode
- ermöglicht wissenschaftliche Validierung
- getestet zum Zeitpunkt der Paketerstellung
- regelmäßige Tests zur Reproduktion erwarteter Resultate
- ... zumindest bei der Verwendung von Debian Paketen

- erzeugt aus dem Quellcode
- ermöglicht wissenschaftliche Validierung
- getestet zum Zeitpunkt der Paketerstellung
- regelmäßige Tests zur Reproduktion erwarteter Resultate
- ... zumindest bei der Verwendung von Debian Paketen

Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

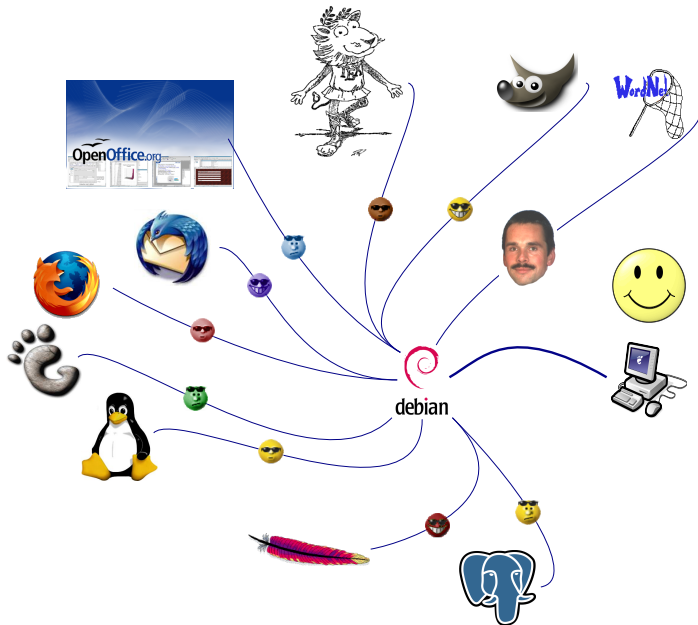
Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbeitung

Ausblick



Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

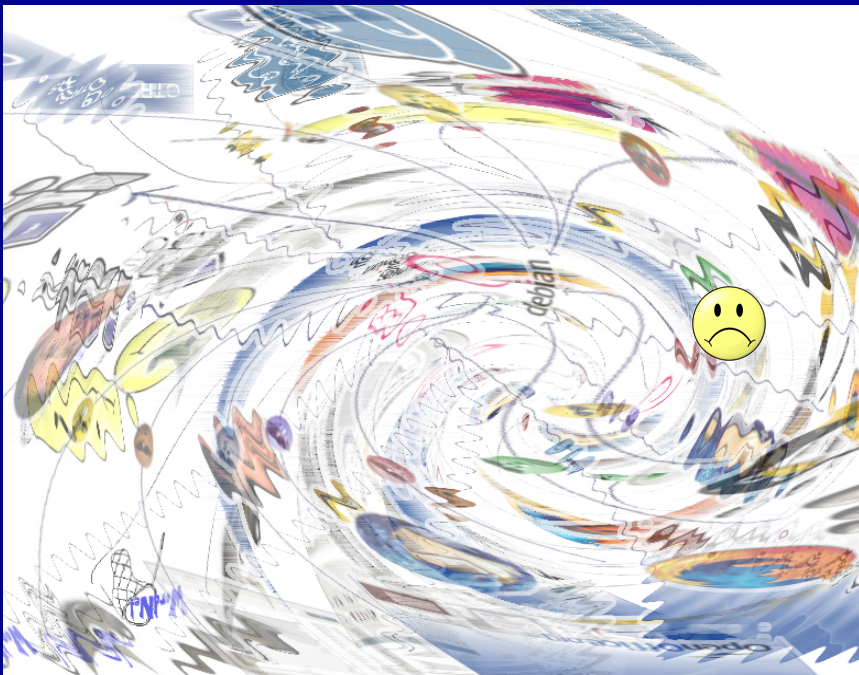
Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbeitung

Ausblick



Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbeitung

Ausblick



Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbeitung

Ausblick



Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

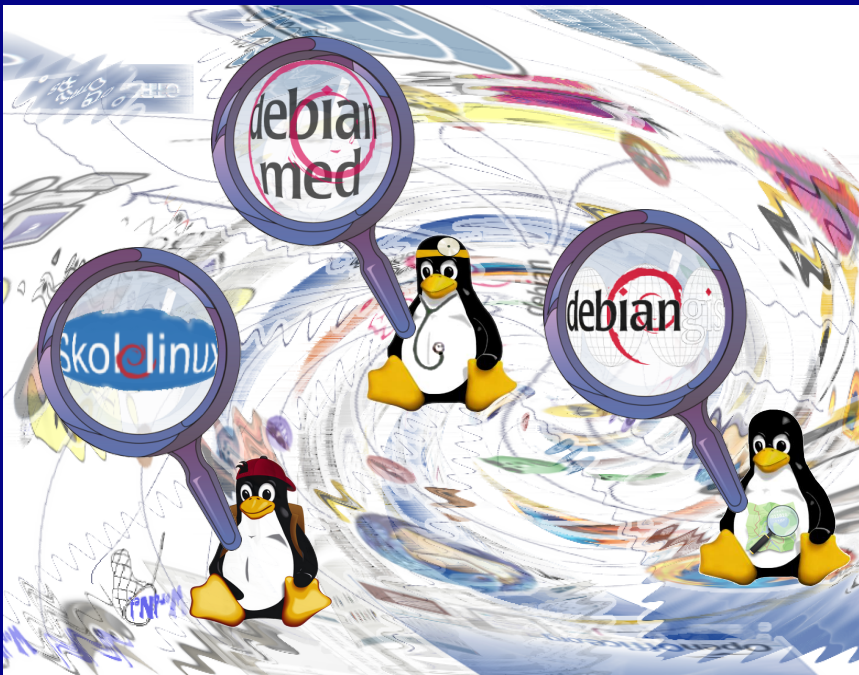
Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbeitung

Ausblick



Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

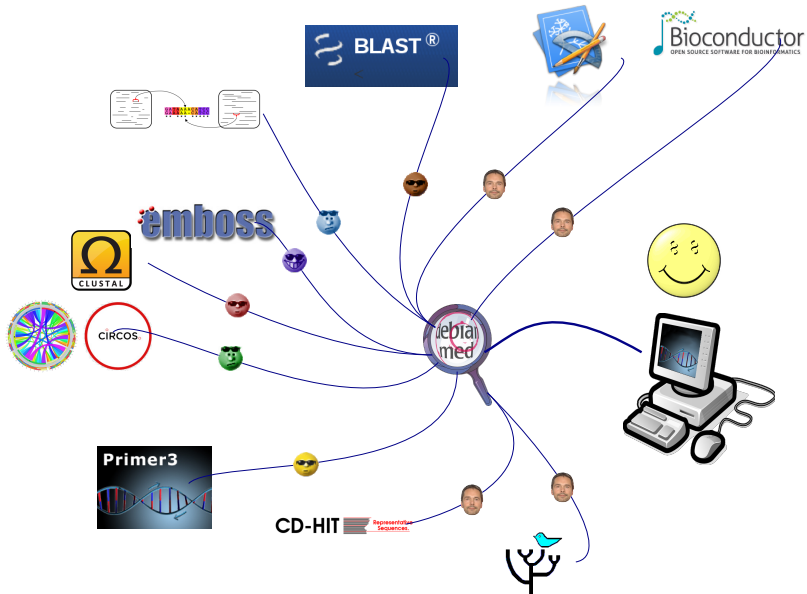
Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbeitung

Ausblick



Bioinformatik
und
medizinische
Bildverarbeitung

Andreas Tille

Historisches

Debian Pure
Blends

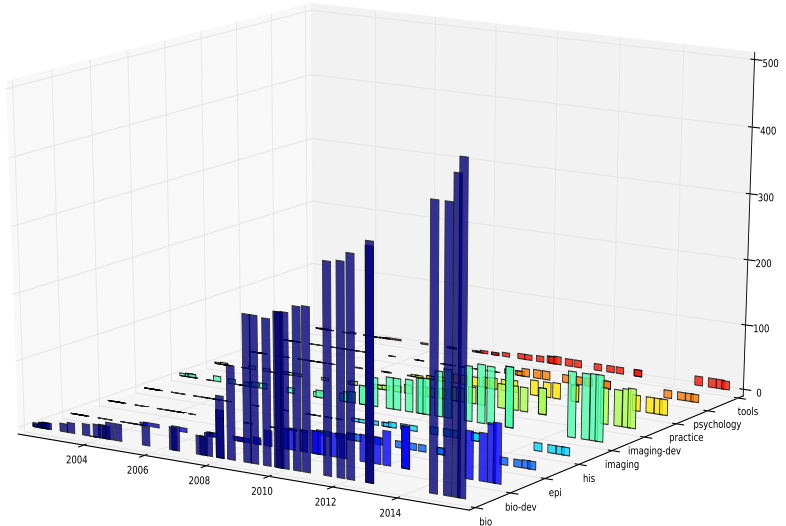
Testen für wis-
senschaftliche
Anwendung

Support

Bioinformatik

Medizinische
Bildverarbei-
tung

Ausblick



- Freie Software ermöglicht die Untersuchung des Algorithmus
- Software wird zum Zeitpunkt der Erstellung des Binärcodes getestet
- Pakete werden automatisch installiert und regelmäßig getestet
- Identischer Code wird weltweit von Wissenschaftlern benutzt, die Probleme berichten können
- Paketsystem erstellt Protokoll zu welcher Zeit welche Softwareversion installiert war

- Freie Software ermöglicht die Untersuchung des Algorithmus
- Software wird zum Zeitpunkt der Erstellung des Binärcodes getestet
- Pakete werden automatisch installiert und regelmäßig getestet
- Identischer Code wird weltweit von Wissenschaftlern benutzt, die Probleme berichten können
- Paketsystem erstellt Protokoll zu welcher Zeit welche Softwareversion installiert war

- Freie Software ermöglicht die Untersuchung des Algorithmus
- Software wird zum Zeitpunkt der Erstellung des Binärcodes getestet
- Pakete werden automatisch installiert und regelmäßig getestet
- Identischer Code wird weltweit von Wissenschaftlern benutzt, die Probleme berichten können
- Paketsystem erstellt Protokoll zu welcher Zeit welche Softwareversion installiert war

- Freie Software ermöglicht die Untersuchung des Algorithmus
- Software wird zum Zeitpunkt der Erstellung des Binärcodes getestet
- Pakete werden automatisch installiert und regelmäßig getestet
- Identischer Code wird weltweit von Wissenschaftlern benutzt, die Probleme berichten können
- Paketsystem erstellt Protokoll zu welcher Zeit welche Softwareversion installiert war

- Freie Software ermöglicht die Untersuchung des Algorithmus
- Software wird zum Zeitpunkt der Erstellung des Binärcodes getestet
- Pakete werden automatisch installiert und regelmäßig getestet
- Identischer Code wird weltweit von Wissenschaftlern benutzt, die Probleme berichten können
- Paketsystem erstellt Protokoll zu welcher Zeit welche Softwareversion installiert war

- Erstellen eigener Testsuites möglich
- Vergleich durch prozessieren von Standarddaten mit erwarteten Ergebnissen
- Test in virtueller Maschine (oder chroot) vor dem Ausrollen

- Erstellen eigener Testsuites möglich
- Vergleich durch prozessieren von Standarddaten mit erwarteten Ergebnissen
- Test in virtueller Maschine (oder chroot) vor dem Ausrollen

- Erstellen eigener Testsuites möglich
- Vergleich durch prozessieren von Standarddaten mit erwarteten Ergebnissen
- Test in virtueller Maschine (oder chroot) vor dem Ausrollen

- Google Summer of Code / Outreachy
- Bioinformatikstudenten schreiben Tests
- Bevorzugung vielgenutzter Debian Pakete (Popularity Contest)
- Während des Testens Fehler erkannt und behoben

- Google Summer of Code / Outreachy
- Bioinformatikstudenten schreiben Tests
- Bevorzugung vielgenutzter Debian Pakete (Popularity Contest)
- Während des Testens Fehler erkannt und behoben

- Google Summer of Code / Outreachy
- Bioinformatikstudenten schreiben Tests
- Bevorzugung vielgenutzter Debian Pakete (Popularity Contest)
- Während des Testens Fehler erkannt und behoben

- Google Summer of Code / Outreachy
- Bioinformatikstudenten schreiben Tests
- Bevorzugung vielgenutzter Debian Pakete (Popularity Contest)
- Während des Testens Fehler erkannt und behoben

- Verschiedene eingesetzte Tools sind veraltet
- Bewußt oder Unwissen?
- Per *uscan* automatisch informieren lassen

- Verschiedene eingesetzte Tools sind veraltet
- Bewußt oder Unwissen?
- Per *uscan* automatisch informieren lassen

- Verschiedene eingesetzte Tools sind veraltet
- Bewußt oder Unwissen?
- Per *uscan* automatisch informieren lassen

*Am Morgen aufwachen und feststellen,
daß jemand anderes Dein Problem
von gestern Abend gelöst hat.*

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille

Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou

I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou

I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou

Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille

Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille

There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou

There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou

I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille

Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou

Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

Sat, 8 Feb 2014 00:16 A. Tille
Need some help for Java package

Sat, 8 Feb 2014 08:15 O. Sallou
I gonna have a look

Sat, 8 Feb 2014 08:42 O. Sallou
I was close to get it

Sat, 8 Feb 2014 09:11 O. Sallou
Got this problem, detected new one, need to contact authors

Sat, 8 Feb 2014 09:30 A. Tille
Thanks for your effort, I can give the authors a phone call

Sat, 8 Feb 2014 10:57 A. Tille
There is some other minor problem

Sat, 8 Feb 2014 12:44 O. Sallou
There is a simple workaround

Mon, 10 Feb 2014 11:03 O. Sallou
I asked authors and they solved remaining issue

Mon, 10 Feb 2014 13:51 A. Tille
Thanks. Some last advise needed

Mon, 10 Feb 2014 14:02 O. Sallou
Code updated, problem solved

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med

- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software

- Begünstigend

- [Debian Med](#) ist ein Debian Pure Blend, der sich auf die Bedürfnisse von Bioinformatikern und Medizinern konzentriert. Es enthält eine große Anzahl von Paketen, die für die Bioinformatik und Medizin relevant sind. Es ist ein sehr aktiver Zweig von Debian, der viele Pakete enthält, die für die Bioinformatik und Medizin relevant sind. Es ist ein sehr aktiver Zweig von Debian, der viele Pakete enthält, die für die Bioinformatik und Medizin relevant sind.

- Nachteilig

- [Debian Med](#) ist ein Debian Pure Blend, der sich auf die Bedürfnisse von Bioinformatikern und Medizinern konzentriert. Es enthält eine große Anzahl von Paketen, die für die Bioinformatik und Medizin relevant sind. Es ist ein sehr aktiver Zweig von Debian, der viele Pakete enthält, die für die Bioinformatik und Medizin relevant sind.

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Lokalisierung in über 100 Sprachen
 - Verfügbarkeit von Software für die meisten Plattformen
- Nachteilig
 - Industrielle Softwareentwicklung
 - Komplexität, wenn Software für verschiedene Plattformen entwickelt werden muss

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Tendenz Freie Software zu nutzen und zu Entwickeln
 - Veröffentlichung von Artikeln + Software
- Nachteilig
 - Inkompatible Softwareverteilung
 - Inkompatible Software-Verfahren für Softwareentwicklung

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Tendenz Freie Software zu nutzen und zu Entwickeln
 - Veröffentlichung von Artikeln + Software
- Nachteilig
 - Inkompatibilität mit anderen Linux Distributionen
 - Komplexität der Debian Med Software

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Tendenz Freie Software zu nutzen und zu Entwickeln
 - Veröffentlichung von Artikeln + Software
- Nachteilig

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Tendenz Freie Software zu nutzen und zu Entwickeln
 - Veröffentlichung von Artikeln + Software
- Nachteilig
 - Industrielle Softwareentwicklung

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Tendenz Freie Software zu nutzen und zu Entwickeln
 - Veröffentlichung von Artikeln + Software
- Nachteilig
 - Industrielle Softwareentwicklung
 - Verständnis Freier Software teilweise nicht ausgeprägt

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Tendenz Freie Software zu nutzen und zu Entwickeln
 - Veröffentlichung von Artikeln + Software
- Nachteilig
 - Industrielle Softwareentwicklung
 - Verständnis Freier Software teilweise nicht ausgeprägt

- Am weitesten entwickelter Zweig von Debian Med
- Sehr große Zahl verfügbarer Freier Software
- Begünstigend
 - Entwicklung an Universitäten und Forschungseinrichtungen
 - Tendenz Freie Software zu nutzen und zu Entwickeln
 - Veröffentlichung von Artikeln + Software
- Nachteilig
 - Industrielle Softwareentwicklung
 - Verständnis Freier Software teilweise nicht ausgeprägt

EMBOSS European Molecular Biology Open Software Suite

PyMOL Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

RasMol Visualisierung biologischer Makromoleküle

clustalx Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

gbrowse Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

NCBI-tools NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

Bioconductor limma Lineare Modelle für Microarray Daten

NJplot Darstellung phylogenetischer Bäume

→ *Bioinformatikanwendungen in Debian* (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[EMBOSS](#) European Molecular Biology Open Software Suite

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[clustalx](#) Multiples Alignment von Nukleotid- und Proteinsequenzen

[gbrowse](#) Generic Genome Browser: konfigurierbarer webbasierter Genombrowser

[NCBI-tools](#) NCBI-Bibliotheken für Biologieprogramme

[Bioconductor limma](#) Lineare Modelle für Microarray Daten

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

→ [Bioinformatikanwendungen in Debian](#) (ca. 500)

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

[Gubbins](#) Genealogies Unbiased By recomBinations In Nucleotide Sequences

[Phylip](#) Programmsammlung für phylogenetische Analysen¹

[PhyML](#) Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode

[seaview](#) Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen

[Treeviewx](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

[r-cran-ape](#) GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution

[MrBayes](#) Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen

[RaXML](#) Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume

[fsa](#) Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie

[fasttree](#) Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen

→ [Übersicht über mehr Phylogenieprogramme](#)

¹ [Bemühungen zur Befreiung von Software](#)

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume
[Gubbins](#) Genealogies Unbiased By recomBINations In Nucleotide Sequences

[Phylip](#) Programmsammlung für phylogenetische Analysen¹
[PhyML](#) Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode

[seaview](#) Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen

[Treeviewx](#) Darstellung phylogenetischer Bäume
[r-cran-ape](#) GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution

[MrBayes](#) Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen

[RaXML](#) Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume

[fsa](#) Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie

[fasttree](#) Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen

→ [Übersicht über mehr Phylogenieprogramme](#)

¹ [Bemühungen zur Befreiung von Software](#)

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBINations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
→ <u>Übersicht über mehr Phylogenieprogramme</u>	

¹ [Bemühungen zur Befreiung von Software](#)

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBINations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
→ <i>Übersicht über mehr Phylogenieprogramme</i>	

¹ Bemühungen zur Befreiung von Software

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBinations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
→ <u>Übersicht über mehr Phylogenieprogramme</u>	

¹ [Bemühungen zur Befreiung von Software](#)

[NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

[Gubbins](#) Genealogies Unbiased By recomBINations In Nucleotide Sequences

[Phylip](#) Programmsammlung für phylogenetische Analysen¹

[PhyML](#) Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode

[seaview](#) Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen

[Treeviewx](#) Darstellung phylogenetischer Bäume

[r-cran-ape](#) GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution

[MrBayes](#) Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen

[RaXML](#) Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume

[fsa](#) Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie

[fasttree](#) Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen

→ [Übersicht über mehr Phylogenieprogramme](#)

¹ [Bemühungen zur Befreiung von Software](#)

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBINations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
→ <i>Übersicht über mehr Phylogenieprogramme</i>	

¹ Bemühungen zur Befreiung von Software

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBinations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
→ <i>Übersicht über mehr Phylogenieprogramme</i>	

¹ Bemühungen zur Befreiung von Software

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBinations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
→ <i>Übersicht über mehr Phylogenieprogramme</i>	

¹ Bemühungen zur Befreiung von Software

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBinations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
→ <i>Übersicht über mehr Phylogenieprogramme</i>	

¹ Bemühungen zur Befreiung von Software

<u>NJplot</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>Gubbins</u>	Genealogies Unbiased By recomBinations In Nucleotide Sequences
<u>Phylip</u>	Programmsammlung für phylogenetische Analysen ¹
<u>PhyML</u>	Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
<u>seaview</u>	Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
<u>Treeviewx</u>	Darstellung phylogenetischer Bäume
<u>r-cran-ape</u>	GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
<u>MrBayes</u>	Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
<u>RaXML</u>	Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
<u>fsa</u>	Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
<u>fasttree</u>	Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen

→ *Übersicht über mehr Phylogenieprogramme*

¹ Bemühungen zur Befreiung von Software

- [NJplot](#) Darstellung phylogenetischer Bäume
 - [Gubbins](#) Genealogies Unbiased By recomBinations In Nucleotide Sequences
 - [Phylip](#) Programmsammlung für phylogenetische Analysen¹
 - [PhyML](#) Phylogenetische Schätzung per Maximum Likelihood Methode
 - [seaview](#) Erstellen und Bearbeiten von Alignments und Erstellen von Bäumen
 - [Treeviewx](#) Darstellung phylogenetischer Bäume
 - [r-cran-ape](#) GNU R Paket zur Analyse von Phylogenie und Evolution
 - [MrBayes](#) Bayesian Inference und Modelauswahl zwischen phylogenetischen und evolutionären Modellen
 - [RaXML](#) Randomized Accelerated Maximum Likelihood phylogenetischer Bäume
 - [fsa](#) Multiple Alignments durch paarweise Schätzungen der Homologie
 - [fasttree](#) Phylogenetische Bäume aus Alignments von Nucleotid- oder Proteinsequenzen
- Übersicht über mehr Phylogenieprogramme

¹ Bemühungen zur Befreiung von Software

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Mapp](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[bedtools](#) Sehr umfangreicher Werkzeugkasten für Genomanalyseaufgaben

[BWA](#) Burrows-Wheeler Aligner: Abbilden gering abweichender Sequenzen auf eine große Referenzsequenz

[Bowtie2](#) Ultraschnelles und speichersparendes Alignmentprogramm für kurze DNA-Sequenzen

[LAST](#) Genome-scale comparison of biological sequences

[tabix](#) Generischer Indexer für `.tbi` und `.csi` formatierte Dateien

[VCFtools](#) Werkzeugsammlung für die Arbeit mit VCF Dateien

[Maq](#) Mapt kurze polymorphe DNA-Sequenzen mit fester Länge auf Referenzsequenzen

[Velvet](#) DNS Assembler für sehr kurze Reads von Sequenzen

[FASTX-Toolkit](#) Sammlung an Befehlszeilenwerkzeugen zur Vorverarbeitung von kurzen Nukleotidsequenzen

[Ray](#) Paralleler Genome Assembler für parallele DNA-Sequenzierung

→ [Übersicht über mehr Programme für NGS](#)

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen

[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen

[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen

[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen

[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[samtools](#) Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format

[ncbi-blast+](#) Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI

[clustalw](#) Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen

[Muscle](#) Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
[Hmmer](#) Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse

[Dialign\(-tx\)](#) Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment

[Exonerate](#) Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich

[Mafft](#) Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen

[amap-align](#) Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen

[T-coffee](#) Multiple Sequence Alignment

[Clustal Omega](#) Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen

[sim4](#) Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

<u>samtools</u>	Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format
<u>ncbi-blast+</u>	Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI
<u>clustalw</u>	Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen
<u>Muscle</u>	Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
<u>Hmmer</u>	Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse
<u>Dialign(-tx)</u>	Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment
<u>Exonerate</u>	Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich
<u>Mafft</u>	Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen
<u>amap-align</u>	Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen
<u>T-coffee</u>	Multiple Sequence Alignment
<u>Clustal Omega</u>	Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen
<u>sim4</u>	Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

<u>samtools</u>	Bearbeiten von Sequenzalignments im SAM und BAM Format
<u>ncbi-blast+</u>	Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) Sequence Werkzeuge vom NCBI
<u>clustalw</u>	Multiple Alignments von Nukleotid- oder Peptidsequenzen
<u>Muscle</u>	Programm zur Ausrichtung mehrerer Proteinsequenzen
<u>Hmmer</u>	Profil-Hidden-Markov-Modelle für Protein-Sequenzanalyse
<u>Dialign(-tx)</u>	Segmentbasiertes multiples Sequenzalignment
<u>Exonerate</u>	Generisches Werkzeug zum paarweisen Sequenzvergleich
<u>Mafft</u>	Multiples Alignment Programm für DNA oder Proteinsequenzen
<u>amap-align</u>	Multiple Alignments durch Sequenz-»annealing« bei Proteinen
<u>T-coffee</u>	Multiple Sequence Alignment
<u>Clustal Omega</u>	Universalprogramm für multiple Sequenzalignments (MSA) von Proteinen
<u>sim4</u>	Werkzeug für Alignments von cDNA mit genomischer DNA

[Kalign](#) Globales und progressives multiples Sequenzalignment

[Probcons](#) PROBABilistic CONSistency-based multiple
Sequenzalignment

[Poa](#) Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments

[Mustang](#) MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm

[Proda](#) Multiple Alignments von Proteinsequenzen

[GenomicRanges](#) Bioconductor Repräsentation und Manipulation von
kurzen Genomalignments

[Infernal](#) Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur

[Mummer](#) Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome

[TM-align](#) Proteinstruktur Alignment

[TopHat](#) Schneller Mapper für Splice Junctions von
RNA-Sequenzstücken

[prank](#) PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA
Sequenzen

[Boxshade](#) Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments

[Gff2aplot](#) Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in
PostScript

[e-PCR](#) Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

[Kalign](#) Globales und progressives multiples Sequenzalignment
[Probcons](#) PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment

[Poa](#) Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments

[Mustang](#) MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm

[Proda](#) Multiple Alignments von Proteinsequenzen

[GenomicRanges](#) Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments

[Infernal](#) Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur

[Mummer](#) Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome

[TM-align](#) Proteinstruktur Alignment

[TopHat](#) Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken

[prank](#) PROBABilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen

[Boxshade](#) Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments

[Gff2aplot](#) Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript

[e-PCR](#) Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u><i>Kalign</i></u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u><i>Probcons</i></u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u><i>Poa</i></u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u><i>Mustang</i></u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u><i>Proda</i></u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u><i>GenomicRanges</i></u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u><i>Infernal</i></u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u><i>Mummer</i></u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u><i>TM-align</i></u>	Proteinstruktur Alignment
<u><i>TopHat</i></u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u><i>prank</i></u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u><i>Boxshade</i></u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u><i>Gff2aplot</i></u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u><i>e-PCR</i></u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

[Kalign](#) Globales und progressives multiples Sequenzalignment

[Probcons](#) PROBABilistic CONSistency-based multiple
Sequenzalignment

[Poa](#) Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments

[Mustang](#) MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm

[Proda](#) Multiple Alignments von Proteinsequenzen

[GenomicRanges](#) Bioconductor Repräsentation und Manipulation von
kurzen Genomalignments

[Infernal](#) Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur

[Mummer](#) Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome

[TM-align](#) Proteinstruktur Alignment

[TopHat](#) Schneller Mapper für Splice Junctions von
RNA-Sequenzstücken

[prank](#) PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA
Sequenzen

[Boxshade](#) Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments

[Gff2aplot](#) Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in
PostScript

[e-PCR](#) Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u><i>Kalign</i></u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u><i>Probcons</i></u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u><i>Poa</i></u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u><i>Mustang</i></u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u><i>Proda</i></u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u><i>GenomicRanges</i></u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u><i>Infernal</i></u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u><i>Mummer</i></u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u><i>TM-align</i></u>	Proteinstruktur Alignment
<u><i>TopHat</i></u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u><i>prank</i></u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u><i>Boxshade</i></u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u><i>Gff2aplot</i></u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u><i>e-PCR</i></u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u><i>Kalign</i></u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u><i>Probcons</i></u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u><i>Poa</i></u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u><i>Mustang</i></u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u><i>Proda</i></u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u><i>GenomicRanges</i></u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u><i>Infernal</i></u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u><i>Mummer</i></u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u><i>TM-align</i></u>	Proteinstruktur Alignment
<u><i>TopHat</i></u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u><i>prank</i></u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u><i>Boxshade</i></u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u><i>Gff2aplot</i></u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u><i>e-PCR</i></u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u>Kalign</u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u>Probcons</u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u>Poa</u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u>Mustang</u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u>Proda</u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u>GenomicRanges</u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u>Infernal</u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u>Mummer</u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u>TM-align</u>	Proteinstruktur Alignment
<u>TopHat</u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u>prank</u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u>Boxshade</u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u>Gff2aplot</u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u>e-PCR</u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u>Kalign</u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u>Probcons</u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u>Poa</u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u>Mustang</u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u>Proda</u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u>GenomicRanges</u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u>Infernal</u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u>Mummer</u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u>TM-align</u>	Proteinstruktur Alignment
<u>TopHat</u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u>prank</u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u>Boxshade</u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u>Gff2aplot</u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u>e-PCR</u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u>Kalign</u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u>Probcons</u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u>Poa</u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u>Mustang</u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u>Proda</u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u>GenomicRanges</u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u>Infernal</u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u>Mummer</u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u>TM-align</u>	Proteinstruktur Alignment
<u>TopHat</u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u>prank</u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u>Boxshade</u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u>Gff2aplot</u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u>e-PCR</u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u>Kalign</u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u>Probcons</u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u>Poa</u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u>Mustang</u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u>Proda</u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u>GenomicRanges</u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u>Infernal</u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u>Mummer</u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u>TM-align</u>	Proteinstruktur Alignment
<u>TopHat</u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u>prank</u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u>Boxshade</u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u>Gff2aplot</u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u>e-PCR</u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u>Kalign</u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u>Probcons</u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u>Poa</u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u>Mustang</u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u>Proda</u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u>GenomicRanges</u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u>Infernal</u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u>Mummer</u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u>TM-align</u>	Proteinstruktur Alignment
<u>TopHat</u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u>prank</u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u>Boxshade</u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u>Gff2aplot</u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u>e-PCR</u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

[Kalign](#) Globales und progressives multiples Sequenzalignment

[Probcons](#) PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment

[Poa](#) Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments

[Mustang](#) MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm

[Proda](#) Multiple Alignments von Proteinsequenzen

[GenomicRanges](#) Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments

[Infernal](#) Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur

[Mummer](#) Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome

[TM-align](#) Proteinstruktur Alignment

[TopHat](#) Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken

[prank](#) PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen

[Boxshade](#) Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments

[Gff2aplot](#) Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript

[e-PCR](#) Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u>Kalign</u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u>Probcons</u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u>Poa</u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u>Mustang</u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u>Proda</u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u>GenomicRanges</u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u>Infernal</u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u>Mummer</u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u>TM-align</u>	Proteinstruktur Alignment
<u>TopHat</u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u>prank</u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u>Boxshade</u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u>Gff2aplot</u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u>e-PCR</u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

<u>Kalign</u>	Globales und progressives multiples Sequenzalignment
<u>Probcons</u>	PROBABilistic CONSistency-based multiple Sequenzalignment
<u>Poa</u>	Partial Order Alignment für multiple Sequencealignments
<u>Mustang</u>	MULTiple (protein) STRuctural ALigNment alGorithm
<u>Proda</u>	Multiple Alignments von Proteinsequenzen
<u>GenomicRanges</u>	Bioconductor Repräsentation und Manipulation von kurzen Genomalignments
<u>Infernal</u>	Rückschluss auf Alignments der RNA-Sekundärstruktur
<u>Mummer</u>	Effizientes Sequenzalignment vollständiger Genome
<u>TM-align</u>	Proteinstruktur Alignment
<u>TopHat</u>	Schneller Mapper für Splice Junctions von RNA-Sequenzstücken
<u>prank</u>	PRobabilistic ALigNment Kit für DNA, Codon und DNA Sequenzen
<u>Boxshade</u>	Pretty-printing von multiplen Sequenzalignments
<u>Gff2aplot</u>	Paarweise Alignment Plots für Genomsequenzen in PostScript
<u>e-PCR</u>	Testet DNA Sequenzen auf Vorhandensein von Markern

Ultimate Debian Database (UDD)

```
SELECT DISTINCT p.package, p.description, po.vote
FROM packages p
JOIN descriptions d ON
    p.description_md5 = d.description_md5
JOIN popcon po ON p.package = po.package
WHERE maintainer LIKE '\%debian-med\%'
    AND language = 'en'.
    AND p.release = 'sid'
    AND architecture = 'amd64'
    AND (d.description ILIKE '\%align\%'
        OR long_description ILIKE '\%align\%' )
ORDER BY vote DESC, package;
```

Derzeit liefert diese Abfrage 189 Ergebnisse.

PyMOL Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

RasMol Visualisierung biologischer Makromoleküle

Gromacs Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

Garlic Darstellungsprogramm für Biomoleküle

BALLview Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

Gamgi Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

Gdpc Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

Adun.app Molekularsimulator für GNUstep

Autogrid Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

Ghemical GNOME Programm zur molekularen Modellierung

R-other-bio3d GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

PyMOL Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

RasMol Visualisierung biologischer Makromoleküle

Gromacs Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

Garlic Darstellungsprogramm für Biomoleküle

BALLview Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

Gamgi Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

Gdpc Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

Adun.app Molekularsimulator für GNUstep

Autogrid Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

Gchemical GNOME Programm zur molekularen Modellierung

R-other-bio3d GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

PyMOL Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

RasMol Visualisierung biologischer Makromoleküle

Gromacs Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

Garlic Darstellungsprogramm für Biomoleküle

BALLview Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

Gamgi Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

Gdpc Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

Adun.app Molekularsimulator für GNUstep

Autogrid Vorbereitung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

Ghemical GNOME Programm zur molekularen Modellierung

R-other-bio3d GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

PyMOL Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

RasMol Visualisierung biologischer Makromoleküle

Gromacs Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

Garlic Darstellungsprogramm für Biomoleküle

BALLview Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

Gamgi Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

Gdpc Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

Adun.app Molekularsimulator für GNUstep

Autogrid Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

Ghemical GNOME Programm zur molekularen Modellierung

R-other-bio3d GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[Gromacs](#) Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

[Garlic](#) Darstellungsprogramm für Biomoleküle

[BALLview](#) Werkzeug für Molekular-Design und -grafiken

[Gamgi](#) Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

[Gdpc](#) Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

[Adun.app](#) Molekularsimulator für GNUstep

[Autogrid](#) Vorbereitung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

[Ghemical](#) GNOME Programm zur molekularen Modellierung

[R-other-bio3d](#) GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

PyMOL Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

RasMol Visualisierung biologischer Makromoleküle

Gromacs Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

Garlic Darstellungsprogramm für Biomoleküle

BALLview Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

Gamgi Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

Gdpc Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

Adun.app Molekularsimulator für GNUstep

Autogrid Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

Gchemical GNOME Programm zur molekularen Modellierung

R-other-bio3d GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[Gromacs](#) Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

[Garlic](#) Darstellungsprogramm für Biomoleküle

[BALLview](#) Werkzeug für Molekular-Design und -grafiken

[Gamgi](#) Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

[Gdpc](#) Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

[Adun.app](#) Molekularsimulator für GNUstep

[Autogrid](#) Vorbereitung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

[Ghemical](#) GNOME Programm zur molekularen Modellierung

[R-other-bio3d](#) GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[Gromacs](#) Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

[Garlic](#) Darstellungsprogramm für Biomoleküle

[BALLview](#) Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

[Gamgi](#) Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

[Gdpc](#) Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

[Adun.app](#) Molekularsimulator für GNUstep

[Autogrid](#) Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

[Ghemical](#) GNOME Programm zur molekularen Modellierung

[R-other-bio3d](#) GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[Gromacs](#) Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

[Garlic](#) Darstellungsprogramm für Biomoleküle

[BALLview](#) Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

[Gamgi](#) Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

[Gdpc](#) Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

[Adun.app](#) Molekularsimulator für GNUstep

[Autogrid](#) Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

[Gchemical](#) GNOME Programm zur molekularen Modellierung

[R-other-bio3d](#) GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

PyMOL Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

RasMol Visualisierung biologischer Makromoleküle

Gromacs Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

Garlic Darstellungsprogramm für Biomoleküle

BALLview Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

Gamgi Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

Gdpc Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

Adun.app Molekularsimulator für GNUstep

Autogrid Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

Gchemical GNOME Programm zur molekularen Modellierung

R-other-bio3d GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

[PyMOL](#) Grafiksystem für Moleküle, ausgerichtet auf mittelgroße bis große Biomoleküle wie Proteine

[RasMol](#) Visualisierung biologischer Makromoleküle

[Gromacs](#) Simulator für Moleküldynamik, Werkzeuge für das Erstellen der Modelle und deren Analyse

[Garlic](#) Darstellungsprogramm für Biomoleküle

[BALLview](#) Werkzeug für Molekulardesign und -grafiken

[Gamgi](#) Konstruktion, Betrachtung und Analyse von Atomstrukturen

[Gdpc](#) Visualisiert Molekulardynamik-Simulationen

[Adun.app](#) Molekularsimulator für GNUstep

[Autogrid](#) Vorberechnung der Bindung von Liganden an ihren Rezeptor

[Gchemical](#) GNOME Programm zur molekularen Modellierung

[R-other-bio3d](#) GNU R Paket für Biologische Strukturanalyse

BioPython Python-Werkzeuge für rechnergestützte
Molekularbiologie

BioPerl Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische
Verfahren

BioJava Java API für biologische Daten und
Anwendungen

BioRuby Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

Bioconductor Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr
Pakete auf Anfrage)

Ruffus In Bioinformatik weit verbreitete Computation
Pipeline Bibliothek

SBML5 System Biology Markup Language Bibliothek

→ *Vollständige Übersicht für Entwickler*

BioPython Python-Werkzeuge für rechnergestützte
Molekularbiologie

BioPerl Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische
Verfahren

BioJava Java API für biologische Daten und
Anwendungen

BioRuby Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

Bioconductor Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr
Pakete auf Anfrage)

Ruffus In Bioinformatik weit verbreitete Computation
Pipeline Bibliothek

SBML5 System Biology Markup Language Bibliothek

→ *Vollständige Übersicht für Entwickler*

BioPython Python-Werkzeuge für rechnergestützte
Molekularbiologie

BioPerl Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische
Verfahren

BioJava Java API für biologische Daten und
Anwendungen

BioRuby Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

Bioconductor Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr
Pakete auf Anfrage)

Ruffus In Bioinformatik weit verbreitete Computation
Pipeline Bibliothek

SBML5 System Biology Markup Language Bibliothek

→ *Vollständige Übersicht für Entwickler*

BioPython Python-Werkzeuge für rechnergestützte
Molekularbiologie

BioPerl Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische
Verfahren

BioJava Java API für biologische Daten und
Anwendungen

BioRuby Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

Bioconductor Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr
Pakete auf Anfrage)

Ruffus In Bioinformatik weit verbreitete Computation
Pipeline Bibliothek

SBML5 System Biology Markup Language Bibliothek

→ *Vollständige Übersicht für Entwickler*

BioPython Python-Werkzeuge für rechnergestützte Molekularbiologie

BioPerl Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische Verfahren

BioJava Java API für biologische Daten und Anwendungen

BioRuby Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

Bioconductor Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr Pakete auf Anfrage)

Ruffus In Bioinformatik weit verbreitete Computation Pipeline Bibliothek

SBML5 System Biology Markup Language Bibliothek

→ *Vollständige Übersicht für Entwickler*

BioPython Python-Werkzeuge für rechnergestützte Molekularbiologie

BioPerl Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische Verfahren

BioJava Java API für biologische Daten und Anwendungen

BioRuby Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

Bioconductor Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr Pakete auf Anfrage)

Ruffus In Bioinformatik weit verbreitete Computation Pipeline Bibliothek

SBML5 System Biology Markup Language Bibliothek

→ *Vollständige Übersicht für Entwickler*

[BioPython](#) Python-Werkzeuge für rechnergestützte Molekularbiologie

[BioPerl](#) Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische Verfahren

[BioJava](#) Java API für biologische Daten und Anwendungen

[BioRuby](#) Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

[Bioconductor](#) Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr Pakete auf Anfrage)

[Ruffus](#) In Bioinformatik weit verbreitete Computation Pipeline Bibliothek

[SBML5](#) System Biology Markup Language Bibliothek

→ [Vollständige Übersicht für Entwickler](#)

[BioPython](#) Python-Werkzeuge für rechnergestützte Molekularbiologie

[BioPerl](#) Perl-Werkzeuge für etablierte bioinformatische Verfahren

[BioJava](#) Java API für biologische Daten und Anwendungen

[BioRuby](#) Ruby Werkzeuge für Molekularbiologie

[Bioconductor](#) Umfangreiche Paketsammlung für R (mehr Pakete auf Anfrage)

[Ruffus](#) In Bioinformatik weit verbreitete Computation Pipeline Bibliothek

[SBML5](#) System Biology Markup Language Bibliothek

→ [Vollständige Übersicht für Entwickler](#)

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

- Große Anzahl Bioinformatikprogramme

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

- Große Anzahl Bioinformatikprogramme
- Einige wenige davon noch nicht für Debian paketierte

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

- Große Anzahl Bioinformatikprogramme
- Einige wenige davon noch nicht für Debian paketi

BioLinux

- Ubuntu Derivat mit extra Bioinformatikpaketen und Desktopanpassungen
- Sehr enge Zusammenarbeit (Entwickler auf Debian Med Sprints)
- Projekt nicht weiterentwickelt - Entwickler empfiehlt Debian Med

OSDDLlinux

- Debian/Ubuntu (?) Derivat zur Medikamentenentwicklung
- Viele Überschneidungen mit Debian Med
- Verschiedene Kontaktversuche zur Zusammenarbeit
- Aktueller Status unklar

FreeBSD ports collection Biology

- Große Anzahl Bioinformatikprogramme
- Einige wenige davon noch nicht für Debian paketierte

- Nutzung in ärztlicher Praxis, Krankenhäusern und wissenschaftlicher Forschung

- NeuroDebian Team betreut großen Teil der Pakete
- Anzahl verfügbarer Freier Software ist geringer als in Bioinformatik
- Abdeckung aller wesentlichen Aufgaben ist gegeben
- Gesucht: Mehr Debian Maintainer für Software auf diesem Gebiet - gern auch Upstream Entwickler

→ Mentoring of the Month (MoM)

- Nutzung in ärztlicher Praxis, Krankenhäusern und wissenschaftlicher Forschung
 - NeuroDebian Team betreut großen Teil der Pakete
 - Anzahl verfügbarer Freier Software ist geringer als in Bioinformatik
 - Abdeckung aller wesentlichen Aufgaben ist gegeben
 - Gesucht: Mehr Debian Maintainer für Software auf diesem Gebiet - gern auch Upstream Entwickler
- Mentoring of the Month (MoM)

- Nutzung in ärztlicher Praxis, Krankenhäusern und wissenschaftlicher Forschung
 - NeuroDebian Team betreut großen Teil der Pakete
 - Anzahl verfügbarer Freier Software ist geringer als in Bioinformatik
 - Abdeckung aller wesentlichen Aufgaben ist gegeben
 - Gesucht: Mehr Debian Maintainer für Software auf diesem Gebiet - gern auch Upstream Entwickler
- Mentoring of the Month (MoM)

- Nutzung in ärztlicher Praxis, Krankenhäusern und wissenschaftlicher Forschung
 - NeuroDebian Team betreut großen Teil der Pakete
 - Anzahl verfügbarer Freier Software ist geringer als in Bioinformatik
 - Abdeckung aller wesentlichen Aufgaben ist gegeben
 - Gesucht: Mehr Debian Maintainer für Software auf diesem Gebiet - gern auch Upstream Entwickler
- Mentoring of the Month (MoM)

- Nutzung in ärztlicher Praxis, Krankenhäusern und wissenschaftlicher Forschung
- NeuroDebian Team betreut großen Teil der Pakete
- Anzahl verfügbarer Freier Software ist geringer als in Bioinformatik
- Abdeckung aller wesentlichen Aufgaben ist gegeben
- Gesucht: Mehr Debian Maintainer für Software auf diesem Gebiet - gern auch Upstream Entwickler

→ *Mentoring of the Month (MoM)*

- Nutzung in ärztlicher Praxis, Krankenhäusern und wissenschaftlicher Forschung
 - NeuroDebian Team betreut großen Teil der Pakete
 - Anzahl verfügbarer Freier Software ist geringer als in Bioinformatik
 - Abdeckung aller wesentlichen Aufgaben ist gegeben
 - Gesucht: Mehr Debian Maintainer für Software auf diesem Gebiet - gern auch Upstream Entwickler
- ➔ Mentoring of the Month (MoM)

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIFTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIFTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIFTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIFTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIFTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIFTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIFTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[\(X\)MedCon](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[GinkgoCADx](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[DCMTK](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[orthanc](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[Aeskulap](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[Dicom3tools](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[AMIDE](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[MRIConvert](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIfTI u.a.)

[gdcm-tools](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[ctn](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[InVesalius](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

(X)MedCon Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

GinkgoCADx Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

DCMTK Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

orthanc Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

Aeskulap Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

Dicom3tools DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

AMIDE Amide's a Medical Imaging Data Examiner

MRIConvert Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIfTI u.a.)

gdcm-tools Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

ctn Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

InVesalius Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

(X)MedCon Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

GinkgoCADx Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

DCMTK Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

orthanc Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

Aeskulap Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

Dicom3tools DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

AMIDE Amide's a Medical Imaging Data Examiner

MRIconvert Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIfTI u.a.)

gdcm-tools Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

ctn Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

InVesalius Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

[*\(X\)MedCon*](#) Werkzeug zur Konvertierung medizinischer Bilder (DICOM, ECAT, ...)

[*GinkgoCADx*](#) Kompletter DICOM Betrachter für die ärztliche Praxis

[*DCMTK*](#) Befehlszeilen-Dienstprogramme der OFFIS-DICOM-Werkzeugsammlung

[*orthanc*](#) Leichtgewichtiger RESTful DICOM Server für medizinische Bildverarbeitung

[*Aeskulap*](#) Medizinischer Bildbetrachter und DICOM-Netzwerkclient

[*Dicom3tools*](#) DICOM-Werkzeuge für Manipulation und Umwandlung medizinischer Bilddateien

[*AMIDE*](#) Amide's a Medical Imaging Data Examiner

[*MRIConvert*](#) Konvertierungswerkzeug für medizinische Bilder (DICOM zu NIfTI u.a.)

[*gdcm-tools*](#) Graswurzel DICOM Bibliothek und Werkzeuge

[*ctn*](#) Central Test Node, eine DICOM-Implementierung für medizinische Bildverarbeitung

[*InVesalius*](#) Implementierung von MIDA und konturbasierter Visualisierung

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

GinkgoCADx enthält einen kompletten DICOM-Betrachter mit fortgeschrittenen Möglichkeiten und Unterstützung für Erweiterungen.

- einfache und anpassbare Oberfläche durch Profile
- vollfunktionale Visualisierung von DICOM-Bildern
- kompletter Werkzeugsatz (messen, markieren, Text, ...)
- unterstützt mehrere Modalitäten (neurologisch, radiologisch, dermatologisch, Augenheilkunde (Ophthalmologie), Ultraschall, Endoskopie, ...)
- DICOM-Konvertierung von JPEG, PNG, GIF und TIFF
- vollständige EMH-Integration: HL7-Standard und IHE-konforme Arbeitsabläufe
- PACS Workstation (C-FIND, C-MOVE, C-STORE...)
- Erweiterbar durch spezielle Anpassungen

- **Bildbetrachter für den Arzt**

*ginkgocadx | aeskulap | amide |
dicomscope*

- **Bioimaging, Volumenberechnungen**

imagevis3d, itksnap, volview

- **Neurologie**

ants, fslview, mrtrix, voxbo

- **Tomographie**

ctsim, mia, odin, plastimatch

- **Scanning Probe Microscopy**

gwyddion

- **Image analysis / Simulation**

sofa-apps

- **Image format conversion tools (DICOM, MINC, NIFTI)**

*biosig-tools, dicom3tools, medcon,
mriconvert*

- **Bildbetrachter für den Arzt**

*ginkgocadx | aeskulap | amide |
dicomscope*

- **Bioimaging, Volumenberechnungen**

imagevis3d, itksnap, volview

- **Neurologie**

ants, fslview, mrtrix, voxbo

- **Tomographie**

ctsim, mia, odin, plastimatch

- **Scanning Probe Microscopy**

gwyddion

- **Image analysis / Simulation**

sofa-apps

- **Image format conversion tools (DICOM, MINC, NIFTI)**

*biosig-tools, dicom3tools, medcon,
mriconvert*

- **Bilddetrachter für den Arzt**

*ginkgocadx | aeskulap | amide |
dicomscope*

- **Bioimaging, Volumenberechnungen**

imagevis3d, itksnap, volview

- **Neurologie**

ants, fslview, mrtrix, voxbo

- **Tomographie**

ctsim, mia, odin, plastimatch

- **Scanning Probe Microscopy**

gwyddion

- **Image analysis / Simulation**

sofa-apps

- **Image format conversion tools (DICOM, MINC, NIFTI)**

*biosig-tools, dicom3tools, medcon,
mriconvert*

- **Bilddetrachter für den Arzt**

*ginkgocadx | aeskulap | amide |
dicomscope*

- **Bioimaging, Volumenberechnungen**

imagevis3d, itksnap, volview

- **Neurologie**

ants, fslview, mrtrix, voxbo

- **Tomographie**

ctsim, mia, odin, plastimatch

- **Scanning Probe Microscopy**

gwyddion

- **Image analysis / Simulation**

sofa-apps

- **Image format conversion tools (DICOM, MINC, NIFTI)**

*biosig-tools, dicom3tools, medcon,
mriconvert*

- **Bilddetrachter für den Arzt**

*ginkgocadx | aeskulap | amide |
dicomscope*

- **Bioimaging, Volumenberechnungen**

imagevis3d, itksnap, volview

- **Neurologie**

ants, fslview, mrtrix, voxbo

- **Tomographie**

ctsim, mia, odin, plastimatch

- **Scanning Probe Microscopy**

gwyddion

- **Image analysis / Simulation**

sofa-apps

- **Image format conversion tools (DICOM, MINC, NIfTI)**

*biosig-tools, dicom3tools, medcon,
mriconvert*

- **Bilddetrachter für den Arzt**
*ginkgocadx | aeskulap | amide |
dicomscope*
- **Bioimaging, Volumenberechnungen**
imagevis3d, itksnap, volview
- **Neurologie**
ants, fslview, mrtrix, voxbo
- **Tomographie**
ctsim, mia, odin, plastimatch
- **Scanning Probe Microscopy**
gwyddion
- **Image analysis / Simulation**
sofa-apps
- **Image format conversion tools (DICOM, MINC, NIfTI)**
*biosig-tools, dicom3tools, medcon,
mriconvert*

- **Bilddetrachter für den Arzt**
*ginkgocadx | aeskulap | amide |
dicomscope*
- **Bioimaging, Volumenberechnungen**
imagevis3d, itksnap, volview
- **Neurologie**
ants, fslview, mrtrix, voxbo
- **Tomographie**
ctsim, mia, odin, plastimatch
- **Scanning Probe Microscopy**
gwyddion
- **Image analysis / Simulation**
sofa-apps
- **Image format conversion tools (DICOM, MINC, NiftI)**
*biosig-tools, dicom3tools, medcon,
mriconvert*

- Allgemein

cimg-dev, gmic, libcv-dev, libvtk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Bildformat Erzeugung und Konvertierung

libmdc2-dev, libminc-dev, libnifti-dev

- Entwicklung spezialisierter Anwendungen:

• *ImageJ: ImageJ and Command-Schema*
• 3D visualization: libvtk6-dev
• 3D visualization: libvtk6-dev
• 3D visualization: libvtk6-dev
• 3D visualization: libvtk6-dev

- Programmiersprachen: Python, C, C++, ...

- Allgemein

cimg-dev, gmick, libcv-dev, libvtk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Allgemein

cimg-dev, gmimc, libcv-dev, libvtrk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Bildformat Erzeugung und Konvertierung

libmdc2-dev, libminc-dev, libnifti-dev

- Entwicklung spezialisierter Anwendungen:

- Registrierung und Segmentierung:

libinsighttoolkit4-dev

- 3D- und 2D-Computer Vision: *libopencv-dev*

- 3D und 2D Computer Vision: *libopencv-dev*

- Programmiersprachen: Python, C, C++, ...

- Allgemein

cimg-dev, gmic, libcv-dev, libvtk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Bildformat Erzeugung und Konvertierung

libmdc2-dev, libminc-dev, libnifti-dev

- Entwicklung spezialisierter Anwendungen:

- Registrierung und Segmentierung:

libinsighttoolkit4-dev

- EEG und MEG Anwendungen: *libopenmeeg-dev*

- 2D und 3D Graustufen Bildbearbeitung: *libmia-dev*

- Programmiersprachen: Python, C, C++, ...

- Allgemein

cimg-dev, gmimc, libcv-dev, libvtk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Bildformat Erzeugung und Konvertierung

libmdc2-dev, libminc-dev, libnifti-dev

- Entwicklung spezialisierter Anwendungen:

- Registrierung und Segmentierung:

libinsighttoolkit4-dev

- EEG und MEG Anwendungen: *libopenmeeg-dev*

- 2D und 3D Graustufen Bildbearbeitung: *libmia-dev*

- Programmiersprachen: Python, C, C++, ...

- Allgemein

cimg-dev, gmim, libcv-dev, libvtk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Bildformat Erzeugung und Konvertierung

libmdc2-dev, libminc-dev, libnifti-dev

- Entwicklung spezialisierter Anwendungen:

- Registrierung und Segmentierung:

libinsighttoolkit4-dev

- EEG und MEG Anwendungen: *libopenmeeg-dev*

- 2D und 3D Graustufen Bildbearbeitung: *libmia-dev*

- Programmiersprachen: Python, C, C++, ...

- Allgemein

cimg-dev, gmic, libcv-dev, libvtk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Bildformat Erzeugung und Konvertierung

libmdc2-dev, libminc-dev, libnifti-dev

- Entwicklung spezialisierter Anwendungen:

- Registrierung und Segmentierung:

libinsighttoolkit4-dev

- EEG und MEG Anwendungen: *libopenmeeg-dev*

- 2D und 3D Graustufen Bildbearbeitung: *libmia-dev*

- Programmiersprachen: Python, C, C++, ...

- Allgemein

cimg-dev, gmimc, libcv-dev, libvtk6-dev

- Biomedizinische Datenbehandlung

libbiosig-dev, libgdf-dev

- Bildformat Erzeugung und Konvertierung

libmdc2-dev, libminc-dev, libnifti-dev

- Entwicklung spezialisierter Anwendungen:

- Registrierung und Segmentierung:

libinsighttoolkit4-dev

- EEG und MEG Anwendungen: *libopenmeeg-dev*

- 2D und 3D Graustufen Bildbearbeitung: *libmia-dev*

- Programmiersprachen: Python, C, C++, ...

- Debian Med Team hat umfangreiche Sammlung medizinischer Software für das offizielle Debian paketierte
- Ständiger Prozess der Aktualisierung und Neuaufnahme
- Nehmen gerne Paketierwünsche entgegen
- Umfangreiche Metadaten (UDD)
- Erstellung von Tests
- „Befreiung“ von Software
- Wir möchten Debian so attraktiv für die Anwendung in Biologie und Medizin machen, daß informierte Nutzer keine andere Wahl haben, als sich für Debian zu entscheiden.

- Debian Med Team hat umfangreiche Sammlung medizinischer Software für das offizielle Debian paketi

- Ständiger Prozess der Aktualisierung und Neuaufnahme

- Nehmen gerne Paketierwünsche entgegen
- Umfangreiche Metadaten (UDD)
- Erstellung von Tests
- „Befreiung“ von Software

→ Wir möchten Debian so attraktiv für die Anwendung in Biologie und Medizin machen, daß informierte Nutzer keine andere Wahl haben, als sich für Debian zu entscheiden.

- Debian Med Team hat umfangreiche Sammlung medizinischer Software für das offizielle Debian paketi
- Ständiger Prozess der Aktualisierung und Neuaufnahme
- Nehmen gerne Paketierwünsche entgegen
- Umfangreiche Metadaten (UDD)
- Erstellung von Tests
- „Befreiung“ von Software
- Wir möchten Debian so attraktiv für die Anwendung in Biologie und Medizin machen, daß informierte Nutzer keine andere Wahl haben, als sich für Debian zu entscheiden.

- Debian Med Team hat umfangreiche Sammlung medizinischer Software für das offizielle Debian paketierte
- Ständiger Prozess der Aktualisierung und Neuaufnahme
- Nehmen gerne Paketierwünsche entgegen
- Umfangreiche Metadaten (UDD)
 - Erstellung von Tests
 - „Befreiung“ von Software
- Wir möchten Debian so attraktiv für die Anwendung in Biologie und Medizin machen, daß informierte Nutzer keine andere Wahl haben, als sich für Debian zu entscheiden.

- Debian Med Team hat umfangreiche Sammlung medizinischer Software für das offizielle Debian paketierte
 - Ständiger Prozess der Aktualisierung und Neuaufnahme
 - Nehmen gerne Paketierwünsche entgegen
 - Umfangreiche Metadaten (UDD)
 - Erstellung von Tests
 - „Befreiung“ von Software
- Wir möchten Debian so attraktiv für die Anwendung in Biologie und Medizin machen, daß informierte Nutzer keine andere Wahl haben, als sich für Debian zu entscheiden.

- Debian Med Team hat umfangreiche Sammlung medizinischer Software für das offizielle Debian paketierte
- Ständiger Prozess der Aktualisierung und Neuaufnahme
- Nehmen gerne Paketierwünsche entgegen
- Umfangreiche Metadaten (UDD)
- Erstellung von Tests
- „Befreiung“ von Software

→ Wir möchten Debian so attraktiv für die Anwendung in Biologie und Medizin machen, daß informierte Nutzer keine andere Wahl haben, als sich für Debian zu entscheiden.

- Debian Med Team hat umfangreiche Sammlung medizinischer Software für das offizielle Debian paketierte
- Ständiger Prozess der Aktualisierung und Neuaufnahme
- Nehmen gerne Paketierwünsche entgegen
- Umfangreiche Metadaten (UDD)
- Erstellung von Tests
- „Befreiung“ von Software
- ➔ Wir möchten Debian so attraktiv für die Anwendung in Biologie und Medizin machen, daß informierte Nutzer keine andere Wahl haben, als sich für Debian zu entscheiden.

Folien: → <https://people.debian.org/tille/talks/>

Kontakt: Andreas Tille <tille@debian.org>

→ *Biologische Anwendungen in Debian*

→ *Medizinische Bildverarbeitung in Debian*

