

VOLLSTÄNDIGE PUBLIKATIONSLISTE

Bücher und Buchkapitel

- [1] E. Bornberg-Bauer, U. Rost, J. Stoye und M. Vingron, Hg. *Proceedings of the German Conference on Bioinformatics, GCB 2000*. European Media Laboratory (EML) and German Cancer Research Center (DKFZ) Heidelberg, Logos Verlag, Berlin, 2000.
- [2] R. Giegerich und J. Stoye, Hg. *Proceedings of the German Conference on Bioinformatics, GCB 2004*, Band P-53 von *Lecture Notes in Informatics*. Köllen Druck+Verlag, Bonn, 2004.
- [3] A. Bergeron, J. Mixtacki und J. Stoye. The Inversion Distance Problem. In *Mathematics of Evolution and Phylogeny*, Kapitel 10, Seiten 262–290. Oxford University Press, 2005.
- [4] J. Stoye. Suffix Tree construction in RAM (1997; Farach). In M.-Y. Kao, Hg., *Encyclopedia of Algorithms*. Springer Verlag, Heidelberg, erscheint 2008.

Artikel in Fachzeitschriften

- [1] U. Tönges, S. W. Perrey, J. Stoye und A. W. M. Dress. A General Method for Fast Multiple Sequence Alignment. *Gene*, 172(1):Seiten GC33–GC41, 1996.
- [2] J. Stoye, S. W. Perrey und A. W. M. Dress. Improving the Divide-and-Conquer Approach to Sum-of-Pairs Multiple Sequence Alignment. *Appl. Math. Lett.*, 10(2):Seiten 67–73, 1997.
- [3] G. Brinkmann, A. W. M. Dress, S. W. Perrey und J. Stoye. Two Applications of the Divide&Conquer Principle in the Molecular Sciences. *Math. Program.*, 79:Seiten 71–97, 1997.
- [4] J. Stoye, V. Moulton und A. W. M. Dress. DCA: An Efficient Implementation of the Divide-and-Conquer Approach to Simultaneous Multiple Sequence Alignment. *CABIOS*, 13(6):Seiten 625–626, 1997.
- [5] A. Dress, B. Morgenstern und J. Stoye. The Number of Standard and of Effective Multiple Alignments. *Appl. Math. Lett.*, 11(4):Seiten 43–49, 1998.

- [6] J. Stoye, D. Evers und F. Meyer. Rose: Generating Sequence Families. *Bioinformatics*, 14(2):Seiten 157–163, 1998.
- [7] J. Stoye. Multiple Sequence Alignment with the Divide-and-Conquer Method. *Gene*, 211(2):Seiten GC45–GC56, 1998.
- [8] M. Hildebrand und J. Stoye. Die Bedeutung der Zusammenarbeit der Disziplinen in der Anwendung – erläutert anhand von Beispielen. *Der Mathematikunterricht*, 44(6):Seiten 34–53, 1998.
- [9] A. Krause, J. Stoye und M. Vingron. The SYSTERS Protein Sequence Cluster Set. *Nucleic Acids Res.*, 28(1):Seiten 270–272, 2000.
- [10] G. S. Brodal, R. B. Lyngsø, C. N. S. Pedersen und J. Stoye. Finding Maximal Pairs with Bounded Gap. *J. Discr. Alg.*, 1:Seiten 77–104, 2000.
- [11] K. Reinert, J. Stoye und T. Will. An Iterative Method for Faster Sum-of-Pairs Multiple Sequence Alignment. *Bioinformatics*, 16(9):Seiten 808–814, 2000.
- [12] S. Heber, J. Stoye, M. Frohme, J. Hoheisel und M. Vingron. Contig Selection in Physical Mapping. *J. Comp. Biol.*, 7(3/4):Seiten 395–408, 2000.
- [13] S. Kurtz, J. V. Choudhuri, E. Ohlebusch, C. Schleiermacher, J. Stoye und R. Giegerich. REPuter: the Manifold Applications of Repeat Analysis on a Genomic Scale. *Nucleic Acids Res.*, 29(22):Seiten 4643–4653, 2001.
- [14] J. Stoye und D. Gusfield. Simple and Flexible Detection of Contiguous Repeats Using a Suffix Tree. *Theor. Comput. Sci.*, 270(1-2):Seiten 843–856, 2002.
- [15] A. Bergeron, S. Heber und J. Stoye. Common Intervals and Sorting by Reversals: A Marriage of Necessity. *Bioinformatics*, 18(Suppl. 2):Seiten S54–S63, 2002. (Proceedings of ECCB 2002).
- [16] R. Spang, M. Rehmsmeier und J. Stoye. A Novel Approach to Remote Homology Detection: Jumping Alignments. *J. Comp. Biol.*, 9(5):Seiten 747–760, 2002.
- [17] M. Sammeth, J. Rothgänger, W. Esser, J. Albert, J. Stoye und D. Harmsen. QAlign: Quality-Based Multiple Alignments with Dynamic Phylogenetic Analysis. *Bioinformatics*, 19(12):Seiten 1592–1593, 2003.
- [18] R. Giegerich, S. Kurtz und J. Stoye. Efficient Implementation of Lazy Suffix Trees. *Softw. Pract. Exper.*, 33(11):Seiten 1035–1049, 2003.
- [19] M. Sammeth, B. Morgenstern und J. Stoye. Divide-and-conquer Multiple Alignment with Segment-Based Constraints. *Bioinformatics*, 19(Suppl. 2):Seiten ii189–ii195, 2003. (Proceedings of ECCB 2003).

- [20] D. A. Pollard, C. M. Bergman, J. Stoye, S. E. Celniker und M. B. Eisen. Benchmarking Tools for the Alignment of Functional Noncoding DNA. *BMC Bioinformatics*, 5(6), 2004.
- [21] M. Cieliebak, T. Erlebach, Z. Lipták, J. Stoye und E. Welzl. Algorithmic Complexity of Protein Identification: Combinatorics of Weighted Strings. *Discrete Appl. Math.*, 137(1):Seiten 27–46, 2004.
- [22] D. Gusfield und J. Stoye. Linear Time Algorithms for Finding and Representing all the Tandem Repeats in a String. *J. Comput. Syst. Sci.*, 69:Seiten 525–546, 2004.
- [23] D. Bartels, S. Kespohl, S. Albaum, T. Drüke, A. Goesmann, J. Herold, O. Kaiser, A. Pühler, F. Pfeiffer, G. Raddatz, J. Stoye, F. Meyer und S. Schuster. BACCardi—A Tool for the Validation of Genomic Assemblies, Assisting Genome Finishing and Intergenome Comparison. *Discrete Appl. Math.*, 21(7):Seiten 853–859, 2005.
- [24] A. Krause, J. Stoye und M. Vingron. Large Scale Hierarchical Clustering of Protein Sequences. *BMC Bioinformatics*, 6(15), 2005.
- [25] M. Sammeth, T. Griebel, F. Tille und J. Stoye. Panta rhei (QAlign2): an Open Graphical Environment for Sequence Analysis. *Bioinformatics*, 22(7):Seiten 889–890, 2006.
- [26] K. Rasmussen, J. Stoye und E. W. Myers. Efficient q -Gram Filters for Finding All ϵ -Matches Over a Given Length. *J. Comp. Biol.*, 13(2):Seiten 296–308, 2006.
- [27] A. Bergeron, J. Mixtacki und J. Stoye. On Sorting by Translocations. *J. Comp. Biol.*, 13(2):Seiten 567–578, 2006.
- [28] L. Krause, N. N. Diaz, D. Bartels, R. A. Edwards, A. Pühler, F. Rohweder, F. Meyer und J. Stoye. Finding Novel Genes in Bacterial Communities Isolated from the Environment. *Bioinformatics*, 22(14):Seiten e281–e289, 2006. (Proceedings of ISMB 2006).
- [29] A. Bergeron und J. Stoye. On the Similarity of Sets of Permutations and its Applications to Genome Comparison. *J. Comp. Biol.*, 13(7):Seiten 1345–1354, 2006.
- [30] M. Sammeth und J. Stoye. Comparing Tandem Repeats with Duplications and Excisions of Variable Degree. *IEEE/ACM Trans. Comput. Biol. Bioinf.*, 3(4):Seiten 395–407, 2006.
- [31] L. Krause, A. C. McHardy, T. W. Nattkemper, A. Pühler, J. Stoye und F. Meyer. GISMO—Gene Identification using aSupport Vector Machine for ORF Classification. *Nucleic Acids Research*, 35(2):Seiten 540–549, 2007.
- [32] K.-B. Schürmann und J. Stoye. An Incomplex Algorithm for Fast Suffix Array Construction. *Softw. Pract. Exper.*, 37(3):Seiten 309–329, 2007.
- [33] G. Didier, T. Schmidt, J. Stoye und D. Tsur. Character Sets of Strings. *J. Discr. Alg.*, 5(2):Seiten 330–340, 2007.
- [34] K.-B. Schürmann und J. Stoye. Counting Suffix Arrays and Strings. *Theor. Comput. Sc.*, im Druck.

Überblicksartikel und eingeladene Abstracts

- [1] J. Stoye. Index Structures for Large Sequence Data: Suffix Trees and Affix Trees. In *GI Jahrestagung (Ergänzungsband)*, Band P-20 von *LNI*, Seite 67. 2002.
- [2] S. Heber und J. Stoye. The European Conference on Computational Biology. *Drug Discovery Today*, 8(3):Seiten 113–114, 2003.
- [3] R. Giegerich und J. Stoye. Finden, fast ohne zu suchen: Indexstrukturen in der Bioinformatik. *Forschung an der Universität Bielefeld*, 26:Seiten 63–68, 2003.
- [4] S. Böcker und J. Stoye. Informatische Methoden zur Protein-Identifikation. *LaborPraxis*, 29(10):Seiten 24–26, 2005.
- [5] J. Stoye. Index Structures in Biological Sequence Analysis: From Simplicity to Complexity and Back. In *Proceedings of JOBIM*, Seite 3. 2006.

Begutachtete Konferenzbeiträge

- [1] J. Stoye, D. Evers und F. Meyer. Generating Benchmarks for Multiple Sequence Alignments and Phylogenetic Reconstructions. In *Proc. 3rd International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 1997)*, Seiten 303–306. AAAI Press, 1997.
- [2] J. Stoye und D. Gusfield. Simple and Flexible Detection of Contiguous Repeats Using a Suffix Tree. In M. Farach, Hg., *Proceedings of the 9th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching, CPM 1998*, Band 1448 von *LNCS*, Seiten 140–152. Springer Verlag, 1998.
- [3] R. Giegerich, S. Kurtz und J. Stoye. Efficient Implementation of Lazy Suffix Trees. In J. S. Vitter und C. D. Zaroliagis, Hg., *Proc. 3rd Workshop on Algorithm Engineering (WAE 1999)*, Band 1668 von *LNCS*, Seiten 30–42. Springer Verlag, 1999.
- [4] G. S. Brodal, R. B. Lyngsø, C. N. S. Pedersen und J. Stoye. Finding Maximal Pairs with Bounded Gap. In M. Crochemore und M. Paterson, Hg., *Proc. 10th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching (CPM 1999)*, Band 1645 von *LNCS*, Seiten 134–149. Springer Verlag, 1999.
- [5] K. Reinert, J. Stoye und T. Will. Combining Divide-and-Conquer, the \mathcal{A}^* -Algorithm, and Successive Realignment Approaches to Speed up Multiple Sequence Alignment. In *Proc. of the German Conference on Bioinformatics (GCB 1999)*, Seiten 17–24. 1999.
- [6] S. Heber, J. Stoye, J. Hoheisel und M. Vingron. Contig Selection in Physical Mapping. In *Proc. 4th International Conference on Computational Molecular Biology (RECOMB 2000)*, Seiten 155–164. ACM Press, 2000.

- [7] R. Spang, M. Rehmsmeier und J. Stoye. Sequence Database Search Using Jumping Alignments. In *Proc. 8th International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2000)*, Seiten 367–375. AAAI Press, 2000.
- [8] S. Kurtz, E. Ohlebusch, C. Schleiermacher, J. Stoye und R. Giegerich. Computation and Visualization of Degenerate Repeats in Complete Genomes. In *Proc. 8th International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2000)*, Seiten 228–238. AAAI Press, 2000.
- [9] S. Heber und J. Stoye. Finding all Common Intervals of k Permutations. In A. Amir und G. Landau, Hg., *Proc. 12th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching (CPM 2001)*, Band 2089 von *LNCS*, Seiten 207–218. Springer Verlag, 2001.
- [10] S. Heber und J. Stoye. Algorithms for Finding Gene Clusters. In O. Gascuel und B. Moret, Hg., *Proc. 1st Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI 2001)*, Band 2149 von *LNCS*, Seiten 254–265. Springer Verlag, 2001.
- [11] S. Heber, J. Stoye, M. Frohme, J. Hoheisel und M. Vingron. Resampling Methods in Physical Mapping. In W. Gaul und G. Ritter, Hg., *Classification, Automation, and New Media: Proc. 24th Annual Conference of the GfKI (GfKI 2000)*, Band 20 von *Studies in Classification, Data Analysis, and Knowledge Organization*, Seiten 437–444. Springer Verlag, 2002.
- [12] M. Cieliebak, Z. Lipták, E. Welzl, T. Erlebach und J. Stoye. Algorithmic Complexity of Protein Identification: Searching in Weighted Strings. In R. Baeza-Yates, U. Montanari und N. Santoro, Hg., *Proc. 2nd IFIP International Conference on Theoretical Computer Science (TCS 2002): Foundations of Information Technology in the Era of Network and Mobile Computing*, Seiten 143–156. Kluwer Academic Publishers, 2002.
- [13] A. Bergeron und J. Stoye. On the Similarity of Sets of Permutations and its Applications to Genome Comparison. In T. Warnow und B. Zhu, Hg., *Proc. 9th Annual International Conference on Computing and Combinatorics (COCOON 2003)*, Band 2697 von *LNCS*, Seiten 68–79. Springer Verlag, 2003.
- [14] C. Bannert und J. Stoye. Evaluation of the Jumping Alignment Algorithm with Artificial and Biological Data. In *Proc. of the German Conference on Bioinformatics (GCB 2003)*, Seiten 21–25. 2003.
- [15] T. Schmidt und J. Stoye. Quadratic Time Algorithms for Finding Common Intervals in Two and More Sequences. In *Proc. 15th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching (CPM 2004)*, Band 3109 von *LNCS*, Seiten 347–358. 2004.
- [16] A. Bergeron, J. Mixtacki und J. Stoye. Reversal Distance without Hurdles and Fortresses. In *Proc. 15th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching (CPM 2004)*, Band 3109 von *LNCS*, Seiten 388–399. 2004.

- [17] K.-B. Schürmann und J. Stoye. An Incomplex Algorithm for Fast Suffix Array Construction. In *Proc. 7th Workshop on Algorithm Engineering and Experiments and the 2nd Workshop on Analytic Algorithmics and Combinatorics (ALENEX/ANALCO 2005)*, Seiten 77–85. 2005.
- [18] K. R. Rasmussen, J. Stoye und E. W. Myers. Efficient q -Gram Filters for Finding All ϵ -Matches Over a Given Length. In *Proc. 9th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology (RECOMB 2005)*, Seiten 189–203. 2005.
- [19] A. Bergeron, J. Mixtacki und J. Stoye. On Sorting by Translocations. In *Proc. 9th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology (RECOMB 2005)*, Seiten 615–629. 2005.
- [20] C. Bannert und J. Stoye. Protein Annotation by Secondary Structure Based Alignments (PASSTA). In *Proc. 1st International Symposium on Computational Life Sciences (CompLife 2005)*, Band 3695 von *LNBI*, Seiten 79–90. 2005.
- [21] M. Sammeth, T. Weniger, D. Harmsen und J. Stoye. Alignment of Tandem Repeats with Excision, Duplication, Substitution and Indels (EDSI). In *Proc. 5th International Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI 2005)*, Band 3692 von *LNBI*, Seiten 276–290. 2005.
- [22] K.-B. Schürmann und J. Stoye. Counting Suffix Arrays and Strings. In *Proc. 12th International Symposium on String Processing and Information Retrieval (SPIRE 2005)*, Band 3772 von *LNCS*, Seiten 55–66. 2005.
- [23] A. Bergeron, J. Mixtacki und J. Stoye. A Unifying View of Genome Rearrangements. In *Proc. 6th International Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI 2006)*, Band 4175 von *LNBI*, Seiten 163–173. 2006.

Technische Berichte

- [1] U. Tönges, S. W. Perrey, J. Stoye und A. W. M. Dress. A General Method for Fast Multiple Sequence Alignment. Materialien/Preprints XCIX, Universität Bielefeld, Forschungsschwerpunkt Mathematisierung – Strukturbildungsprozesse, 1996.
- [2] J. Stoye, A. W. M. Dress und S. W. Perrey. Improving the Divide-and-Conquer Approach to Sum-of-Pairs Multiple Sequence Alignment. Materialien/Preprints 102, Universität Bielefeld, Forschungsschwerpunkt Mathematisierung – Strukturbildungsprozesse, 1996.
- [3] S. W. Perrey und J. Stoye. Fast Approximation to the NP-Hard Problem of Multiple Sequence Alignment. Information and Mathematical Sciences Reports, Series B: 96/06, Massey University, New Zealand, 1996.
- [4] J. Stoye. Divide-and-Conquer Multiple Sequence Alignment. Dissertation Thesis. Report 97-02, Technische Fakultät der Universität Bielefeld, Abteilung Informationstechnik, 1997.

- [5] G. Brinkmann, A. W. M. Dress, S. W. Perrey und J. Stoye. Two Applications of the Divide & Conquer Principle in the Molecular Sciences. Research Report 151, University of Canterbury, Christchurch, New Zealand. Department of Mathematics and Statistics, 1997.
- [6] G. Brinkmann, A. W. M. Dress, S. W. Perrey und J. Stoye. Two Applications of the Divide & Conquer Principle in the Molecular Sciences. Materialien/Preprints 109, Universität Bielefeld, Forschungsschwerpunkt Mathematisierung – Strukturbildungsprozesse, 1997.
- [7] S. W. Perrey, J. Stoye, V. Moulton und A. W. M. Dress. On Simultaneous versus Iterative Multiple Sequence Alignment. Materialien/Preprints 111, Universität Bielefeld, Forschungsschwerpunkt Mathematisierung – Strukturbildungsprozesse, 1997.
- [8] A. Dress, B. Morgenstern und J. Stoye. On the Number of Standard and of Effective Multiple Alignments. Materialien/Preprints 112, Universität Bielefeld, Forschungsschwerpunkt Mathematisierung – Strukturbildungsprozesse, 1997.
- [9] S. W. Perrey, J. Stoye und V. Moulton. FDCA: Fast and Accurate Approximation to Sum-of-Pairs Score Optimal Multiple Sequence Alignment. Materialien/Preprints 114, Universität Bielefeld, Forschungsschwerpunkt Mathematisierung – Strukturbildungsprozesse, 1997.
- [10] J. Stoye, D. Evers und F. Meyer. Rose: Generating Sequence Families. Report 97-04, Technische Fakultät der Universität Bielefeld, Abteilung Informationstechnik, 1997.
- [11] J. Stoye und D. Gusfield. Simple and Flexible Detection of Contiguous Repeats Using a Suffix Tree. Report CSE-98-2, Department of Computer Science, University of California, Davis, 1998.
- [12] D. Gusfield und J. Stoye. Linear Time Algorithms for Finding and Representing all the Tandem Repeats in a String. Report CSE-98-4, Department of Computer Science, University of California, Davis, 1998.
- [13] G. S. Brodal, R. B. Lyngsø, C. N. S. Pedersen und J. Stoye. Finding Maximal Pairs with Bounded Gap. Technischer Bericht RS-99-12, BRICS, Department of Computer Science, University of Aarhus, Ny Munkegade, 8000 Århus C, Denmark, 1999.
- [14] B. Morgenstern, J. Stoye und A. Dress. Consistent Equivalence Relations: A Set-Theoretical Framework for Multiple Sequence Alignment. Materialien/Preprints 133, Universität Bielefeld, Forschungsschwerpunkt Mathematisierung – Strukturbildungsprozesse, 1999.
- [15] J. Stoye. Affix Trees. Report 2000-04, Technische Fakultät der Universität Bielefeld, Abteilung Informationstechnik, 2000.
- [16] M. Cieliebak, T. Erlebach, Z. Lipták, J. Stoye und E. Welzl. Algorithmic Complexity of Protein Identification: Combinatorics of Weighted Strings. Technical Report 361, ETH Zürich, Dept. of Computer Science, 2001.

- [17] A. Bergeron und J. Stoye. On the Similarity of Sets of Permutations and its Applications to Genome Comparison. Report 2003-01, Technische Fakultät der Universität Bielefeld, Abteilung Informationstechnik, 2003.
- [18] K.-B. Schürmann und J. Stoye. Suffix Tree Construction and Storage with Limited Main Memory. Report 2003-06, Technische Fakultät der Universität Bielefeld, Abteilung Informationstechnik, 2003.
- [19] K.-B. Schürmann und J. Stoye. Counting Suffix Arrays and Strings. Report 2005-04, Technische Fakultät der Universität Bielefeld, Abteilung Informationstechnik, 2005.
- [20] M. Sammeth und S. J. Alignment of Tandem Repeats with Excision, Duplication, Substitution and Indels (EDSI). Report 2005-05, Technische Fakultät der Universität Bielefeld, Abteilung Informationstechnik, 2005.
- [21] C. Chauve, Y. Diekmann, S. Heber, J. Mixtacki, S. Rahmann und J. Stoye. On Common Intervals with Errors. Technischer Bericht, Universität Bielefeld, Forschungsbericht der Technischen Fakultät, Abteilung Informationstechnik, 2006-02 2006.