

Vorwort

Die Entdeckung der Doppelhelix-Struktur der DNA durch Watson und Crick vor 50 Jahren war der Ausgangspunkt für den Beginn einer neuen Epoche in der molekularbiologischen Forschung. Seitdem hat sich unser Wissen im Bereich der Molekularbiologie enorm vermehrt. Viele der heute gängigen Verfahren und Errungenschaften wären allerdings ohne den Einsatz der Informatik undenkbar. Dabei spielt die Informatik eine aktive Rolle in dem neuen interdisziplinären Gebiet der Bioinformatik. Erst das Zusammenwirken biologischer Verfahren und informatischer Konzepte eröffnete die Möglichkeit, Projekte wie zum Beispiel das *Human-Genom-Projekt* erfolgreich abzuschließen. Mit der dort durchgeführten Sequenzierung der menschlichen DNA ist dieser Erfolgsgeschichte der Bioinformatik noch kein Ende gesetzt, im Gegenteil, sie hat gerade erst begonnen. Es gilt nun, die gewonnenen Daten zu analysieren und sich nutzbar zu machen. Darüber hinaus tun sich auch neue Aufgabenfelder, beispielsweise die Untersuchung von Proteinstrukturen, auf, deren Resultate unter anderem in der Medizin zur erfolgreichen Behandlung von Krankheiten dienen könnten. Die Informatik wird im Kontext dieser Probleme vor große und interessante Herausforderungen gestellt, die in zahlreichen Bereichen der Informatik die Entwicklung neuer Methoden und Konzepte erfordern und beeinflussen werden.

Das vorliegende Buch stellt grundlegende Fragestellungen im Bereich der Bioinformatik vor, erläutert die verwendeten Modelle und untersucht deren algorithmische Lösungsansätze. Dabei hat es den Charakter eines Lehrbuchs, das detailliert auf die einzelnen Sachbereiche eingeht und schrittweise die Argumentation aufbaut. Damit ist es besonders gut als Einstieg für Studenten in das Gebiet der Bioinformatik oder zur Konzeption von Einführungsvorlesungen in diesen Bereich geeignet. Es ist außerdem eines der ersten Lehrbücher in deutscher Sprache, das die Thematik der algorithmischen Bioinformatik aufgreift. Das Spektrum der behandelten Themen reicht von den klassischen Grundlagen der String-Algorithmen über grundlegende Ansätze zur Sequenzierung von DNA und der Analyse der so gewonnenen Daten bis hin zu den aktuellen Gebieten der Strukturvorhersage von Biomolekülen. Wir haben uns bemüht, für jeden dieser Themenkomplexe die Grundlagen möglichst ausführlich und detailliert zu behandeln, darüber hinaus aber auch Hinweise auf aktuelle Forschungsansätze und -ergebnisse zu geben.

Ohne die Hilfe und Anregung von Anderen wäre es uns sicherlich viel schwerer gefallen, vielleicht sogar unmöglich gewesen, dieses Buch zu schreiben. Daher möchten wir an dieser Stelle allen danken, die uns bei der Erstellung dieses Buches in der einen oder anderen Form unterstützt haben.

Allen voran danken wir Juraj Hromkovič, der uns zum Schreiben dieses Buches ermutigt hat, der uns mit vielen Anregungen und Kommentaren hilfreich zur Seite stand, und nicht zu-

letzt danken wir ihm auch für sein sorgfältiges Korrekturlesen des vorläufigen Manuskripts. Herzlich danken wir Heidi Imhoff für ihre zahlreichen Kommentare und Informationen zu den biologischen Grundlagen und Marc Cieliebak für Diskussionen und Anregungen im Zusammenhang mit der Restriktionsstellenkartierung. Wir danken unseren Kollegen Joachim Kupke, Sebastian Seibert, Walter Unger und Viktor Keil für gute Ratschläge und Diskussionen zu zahlreichen Themen sowie für die Hilfe bei der technischen Realisierung dieses Buches. Ein besonderer Dank gilt dem Team vom Teubner-Verlag und dort insbesondere Herrn Sandten für sein freundliches Engagement und seine Hilfe. Zu guter Letzt wollen wir auch unseren Familien und Freunden danken, die in der Zeit der Arbeit an diesem Buch häufig Geduld mit uns bewiesen haben und uns darüber hinaus unterstützt und motiviert haben. Ein herzlicher Dank Euch allen.

Aachen, im Mai 2003

Hans-Joachim Böckenhauer und Dirk Bongartz