

Vorwort

Die Entwicklung von Mustererkennungsmethoden auf der Basis sogenannter *Markov-Modelle* ist eng verknüpft mit dem technologischen Fortschritt im Bereich der automatischen Spracherkennung. Allerdings kommen Markov-Ketten- und Hidden-Markov-Modelle heute auch in vielen anderen Anwendungsfeldern zum Einsatz, wo es um die Modellierung und Analyse zeitlich organisierter Daten wie z.B. genetischer Sequenzen oder handschriftlicher Texte geht. Trotzdem werden Markov-Modelle in Monographien praktisch ausschließlich im Kontext der automatischen Spracherkennung behandelt und nicht als ein allgemeines, vielfältig einsetzbares Instrumentarium der statistischen Mustererkennung.

Dieses Buch stellt dagegen den Formalismus der Markov-Ketten- und Hidden-Markov-Modelle in den Mittelpunkt der Betrachtungen. Am Beispiel der drei Hauptanwendungsgebiete dieser Technologie — nämlich der automatischen Spracherkennung, der Handschrifterkennung sowie der Analyse genetischer Sequenzen — wird gezeigt, welche Anpassungen an das jeweilige Einsatzgebiet erforderlich sind und wie diese in aktuellen Mustererkennungssystemen umgesetzt werden. Neben der Behandlung der theoretischen Grundlagen der Modellbildung liegt ein wesentlicher Schwerpunkt des vorliegenden Werks auf der Darstellung der für den erfolgreichen praktischen Einsatz unabdingbaren algorithmischen Lösungen. Daher wendet sich dieses Buch sowohl an Fachleute aus dem Bereich Mustererkennung als auch an Studentinnen und Studenten mit einem entsprechenden Studienschwerpunkt, die sich mit Fragen der Sprach- oder Schrifterkennung bzw. der Bioinformatik oder vergleichbaren Problemstellungen beschäftigen und ein tiefergehendes Verständnis für den Einsatz statistischer Methoden in diesen Bereichen erwerben möchten.

Entstanden ist dieses Werk als Habilitationsschrift in der Arbeitsgruppe *Angewandte Informatik* an der Technischen Fakultät der Universität Bielefeld. Mein besonderer Dank gilt Prof. Dr.-Ing. Heinrich Niemann (Universität Erlangen), der im Studium mein Interesse an Mustererkennung geweckt hat, und meinem Betreuer Prof. Dr.-Ing. Gerhard Sagerer, der mir die Möglichkeit gegeben hat, im Rahmen vieler interessanter Projekte in dieses Forschungsfeld hineinzuwachsen. Ihnen beiden und Prof. Dr. Dieter Metzger danke ich darüber hinaus für die Erstellung der Gutachten.

Ganz herzlich bedanken möchte ich mich auch bei all jenen, die mich bei der Erstellung dieses Buchs durch Anregungen, Kritik und Hilfe bei der technischen Ausführung unterstützt haben. Dazu zählen insbesondere meine Kollegen Prof. Dr.-Ing. Franz Kummert, Thomas Plötz, Markus Wienecke und Dr.-Ing. Britta Wrede. Für die kompetente Beratung zu Fragen der Bioinformatik und speziell dem Themenkomplex der Analyse biologischer Sequenzen danke ich Kerstin Koch und Steffen Neumann. Martin Ellermann gilt mein Dank für die Unterstützung bei der Erstellung von Graphiken sowie der umfangreichen und teilweise nichttrivialen Literaturrecherche und -aufbereitung.

Bielefeld, im August 2003

Gernot A. Fink

Meinen Eltern