eXamen.press

eXamen.press ist eine Reihe, die Theorie und Praxis aus allen Bereichen der Informatik für die Hochschulausbildung vermittelt.

Jürgen Paetz

Soft Computing in der Bioinformatik

Eine grundlegende Einführung und Übersicht

Mit 43 Abbildungen und 5 Tabellen

Springer

Jürgen Paetz

Bibliografische Information der Deutschen Bibliothek
Die Deutsche Bibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über http://dnb.ddb.de abrufbar.

ISSN 1614-5216
ISBN-10 3-540-29886-X Springer Berlin Heidelberg New York
ISBN-13 978-3-540-29886-1 Springer Berlin Heidelberg New York

Springer ist ein Unternehmen von Springer Science+Business Media
springer.de

Printed in Germany

Satz: Druckfertige Daten des Autors
Herstellung: LE-TEX, Jelonek, Schmidt & Vöckler GbR, Leipzig
Umschlaggestaltung: KünkelLopka Werbeagentur, Heidelberg
Gedruckt auf säurefreiem Papier 33/3142 YL – 5 4 3 2 1 0

Allen Lesern – für Forschung, Anwendung und Lehre

Vorwort

Dieses Buch behandelt die Grundlagen des in der Forschung und Praxis bedeutenden Gebiets „Soft Computing“. Der Stoff aus den Themengebieten Datenanalyse, Neuronale Netze, Fuzzy-Logik, Maschinelles Lernen, evolutionäre Strategien und naturanaloge Algorithmen ist für eine bis zu vierstündige Vorlesung mit Übungen konzipiert. Teile einer zweistündigen Vorlesung „Soft Computing zur Wissensextraktion“ und einer dreistündigen Vorlesung „Soft Computing für Bioinformatiker“ wurden für dieses Buch überarbeitet und ergänzt. Das Buch enthält auch eine Einführung in die Matlab-Arbeitsumgebung, die für die Übungen verwendet werden kann. Im Anhang findet der Leser die wichtigsten Begriffe der Wahrscheinlichkeitsrechnung. Besonders interessant in diesem Buch ist die Darstellung der Anwendungsmöglichkeiten der Verfahren des Soft Computing innerhalb der Bioinformatik (Kapitel 1, 5, 8, 11, 18, 25, 31) und die Anwendung biologischer Prinzipien im Rahmen des Soft Computing (Kap. 26-30, 32-34), die selbst wiederum auf Probleme der Bioinformatik angewendet werden können. Auch wurden die Chemieinformatik und einige medizinische Anwendungen berücksichtigt. Speziell zu diesen Anwendungsthemen wurden (neben anderen) über 80 aktuelle Originalarbeiten (davon über 60 aus den Jahren ab 2000) eingearbeitet, so dass ein weiterführendes Studium dieser Arbeiten ermöglicht wird. Aufgrund der Detailfülle der Originalarbeiten, sowohl aus informatorischer als auch aus biologischer Sicht, können viele Arbeiten nur in verkürzter Form wiedergegeben werden. Insgesamt wird dem Leser ein Angebot von über 250 Literaturangaben und über 60 Aktivierungselementen gemacht. Dennoch können viele Themen nur im Sinne des Buches einführend und überblicksartig behandelt werden. Dem interessierten Leser sei das ergänzende Studium ausgewählter Originalliteratur daher empfohlen. In jedem Kapitel werden zu Beginn die Lehrziele genannt und am Ende wird der Lehrstoff kurz repetiert. Zum Abschluss sei allen gedankt, die das Buchprojekt in verschiedenster Art und Weise unterstützt haben.

Obertshausen, *Jürgen Paetz*
Dezember 2005

Inhaltsverzeichnis