

Vorwort

Biologische Computer nach dem Vorbild der Natur, bei denen organische Moleküle als Speichermedium dienen und Rechenoperationen durch geeignete molekularbiologische Prozesse und biochemische Reaktionen nachgebildet werden, mögen auf den ersten Blick abwegig erscheinen. Ihr Vorteil gegenüber konventioneller Rechentechnik liegt jedoch vor allem in der enormen Speicherkapazität und -dichte, der Miniaturisierung, der Biokompatibilität sowie in der massiv datenparallelen Verarbeitung, die extrem hohe Rechengeschwindigkeiten erlaubt. Die Nutzung des Erbmoleküls DNA als Speichermedium wird hierbei forciert und begründet das Wissensgebiet des DNA-Computing, das sich dem Rechnen mit DNA in Theorie und Praxis widmet.

Der Kenntnisstand in diesem jungen, von Anfang an interdisziplinär geprägten Wissensgebiet hat sich in den letzten Jahren vervielfacht. Ein breites Interesse liegt neben theoretischen und technologischen Zusammenhängen vor allem in der Faszination experimenteller Auswertungen, die eindrucksvoll zeigen, wie die Natur Rechenvorgänge ausführen kann. Die wachsende Zahl von Patenten und Fachbeiträgen sowie die beginnende Kommerzialisierung belegen die Bedeutung dieses neuen innovativen Forschungsfeldes wie auch seine Verankerung in der Informatik und Biotechnologie.

Wir durften die Entwicklung des DNA-Computing seit seiner Herausbildung begleiten und mitgestalten. Der gegenwärtige Zeitpunkt innerhalb dieser Entwicklung erscheint uns sinnvoll, um erstmals ein umfassendes und fachübergreifendes deutschsprachiges Einführungswerk bereitzustellen. Es konzentriert das aktuelle Basiswissen zur Thematik. Besonderer Wert wird auf die Herausarbeitung von Querverbindungen zwischen den einzelnen Teilbereichen des Wissensgebietes gelegt, um ein durchgängiges Verständnis sowie eine fundierte Einarbeitung zu erleichtern, gestützt durch zahlreiche Abbildungen und einheitlich geführte Beispiele.

Das Buch wendet sich an mehrere Leserzielgruppen. Vordergründig soll es Ingenieure, Informatiker, naturwissenschaftlich-technisch Interessierte und Studenten verwandter Studiengänge ansprechen, die sich über unkonventionelle Computingkonzepte und massiv datenparalleles Rechnen auf biologischer Basis informieren möchten. Derzeit wird an den meisten universitären Informatik-Ausbildungseinrichtungen im deutschsprachigen Raum das DNA-Computing als Bestandteil des Studiums thematisiert. Insbesondere lassen sich neueste Erkenntnisse über zeiteffiziente Algorithmen zur Lösung rechen- und speicherintensiver Aufgaben vorteilhaft auf bereits vorhandene parallele Rechnerarchitekturen übertragen. Die dargestellten Ideen zur Algorithmenkonstruktion sind vielseitig nachnutzbar. Infolge der interdisziplinär ausgerichteten Thematik profitieren auch Bioinformatiker, Molekularbiologen und Genetiker von dem vermittelten Wissen. Ihr Interesse gilt vordergründig der praktischen Anwendung von Simulationen molekularbiologischer Prozesse mit dem Ziel einer kostengünstigen und effektiven Vorbereitung von Laborexperimenten. Personen, die auf dem Gebiet der Modellierung und Simulation tätig sind, erhalten kompakt angereichertes, anwendungsfertiges Wissen sowie Anregungen

zur Handhabung von Simulationsgegenständen aus der Molekularbiologie. Das Verständnis des Buchinhaltes setzt keine Spezialkenntnisse voraus, alle benutzten Begriffe werden eingeführt und die dargelegten Sachverhalte anschaulich nachvollziehbar erklärt.

Unser Dank gebührt den Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern des Oldenbourg-Wissenschaftsverlages München für die hervorragende Zusammenarbeit und Unterstützung. Ihr Interesse an der Erstveröffentlichung eines deutschsprachigen Fachbuches zur Thematik ist hierbei besonders erwähnenswert. Hervorheben möchten wir ebenfalls die guten Rahmenbedingungen an der Technischen Universität Dresden, die wesentlich zum Gelingen des Buchmanuskripts beitrugen.

Allen Leserinnen und Lesern wünschen wir eine interessante Lektüre.

Dresden

Thomas Hinze, Monika Sturm