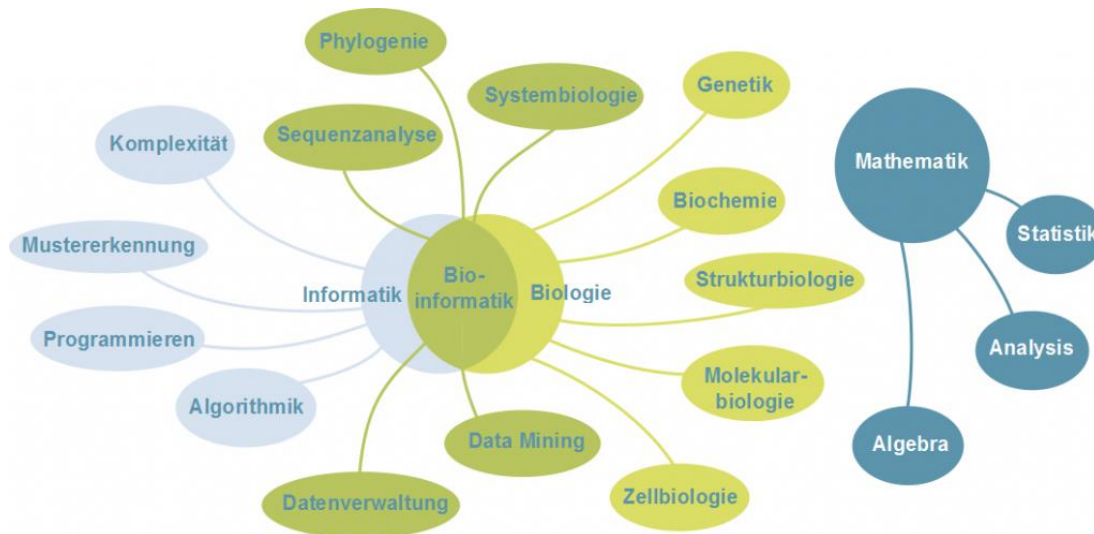


Bioinformatik



<http://bioinformatik.uni-jena.de/was-ist-bioinformatik/>

Was ist Bioinformatik ?

Bioinformatik bezieht sich auf den Einsatz von

- Informatik
- statistischer Modellierung und
- algorithmischer Verarbeitung zum Verständnis biologischer Daten.

Bioinformatik ist ein Beispiel dafür, wie die Informatik andere Bereiche revolutioniert hat.

Einfach ausgedrückt, wendet die Bioinformatik moderne Computer- und Analysetechniken auf biologische Informationen an.

<https://www.betriebswirtschaft-lernen.net/erklaerung/bioinformatik/>

Wo wird Bioinformatik angewandt ?

Bioinformatik wird häufig in Bereichen eingesetzt, in denen Verarbeitungsprozesse für große Datensätze erforderlich sind, beispielsweise für die Sequenzierung eines Genoms (Erbgut). Bioinformatik wird auch in der pharmazeutischen Industrie verwendet, um molekulare Kombinationen zu identifizieren, die eher nützliche Medikamente ergeben.

Es gibt viele natürliche Verbindungen zwischen Biologie und Informatik, die zu anderen spannenden Forschungsgebieten führen, wie künstliche neuronale Netze (KNN), DNA-Computing, evolutionäre Programmierung und so weiter. Die genaue Definition von Bioinformatik ist jedoch nicht immer klar, da alle biologischen Forschungen und Studien zu einem gewissen Grad von Computern abhängen.

<https://www.betriebswirtschaft-lernen.net/erklaerung/bioinformatik/>

Beispiele der Bioinformatik

Künstliche neuronale Netze (KNN)

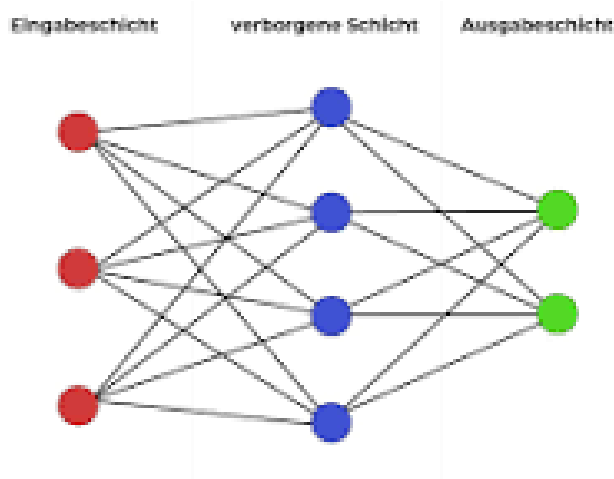
Künstliche Neuronale Netze (KNN) sind dem menschlichen Gehirn nachempfunden und werden für maschinelles Lernen und künstliche Intelligenz eingesetzt. Computerbasiert lassen sich damit diverse Problemstellungen lösen, die für uns Menschen fast unmöglich wären. Dieses abstrahierte Modell von verbundenen künstlichen Neuronen, ermöglicht es, komplexe Aufgaben aus den Bereichen Statistik, Informatik und Wirtschaft durch Computer zu lösen.

Durch Neuronale Netze lassen sich verschiedene Datenquellen wie Bilder, Geräusche, Texte, Tabellen oder Zeitreihen interpretieren und Informationen oder Muster herausziehen, um diese auf unbekannte Daten anzuwenden. So lassen sich datengetrieben Vorhersagen für die Zukunft erstellen.

Künstliche Neuronale Netzwerke können unterschiedlich komplex aufgebaut sein. Wenn ein Künstliches Neuronales Netzwerk besonders tiefe Netzstrukturen hat, dann spricht man von Deep Learning.

Vereinfacht kann man sich den Aufbau eines KNN folgendermaßen vorstellen:

Das Modell des neuronalen Netzes besteht aus Knoten, auch **Neuronen** genannt, die Informationen von anderen Neuronen oder von außen aufnehmen, modifizieren und als Ergebnis ausgeben. Dies erfolgt über drei verschiedene Schichten, denen jeweils eine Art Neuronen zugeordnet werden kann: solche für den Input (**Eingabeschicht**), für den Output (**Ausgabeschicht**) und die sogenannten Hidden-Neuronen (**verborgene Schichten**).



Die Schichten erklärt:

- **Eingabeschicht:** Die Eingangsschicht versorgt das neuronale Netz mit den notwendigen Informationen. Die Input-Neuronen verarbeiten die eingegebenen Daten und führen diese gewichtet an die nächste Schicht weiter.

- **Verborgene Schicht:** Die verborgene Schicht befindet sich zwischen der Eingabeschicht und der Ausgabeschicht. Während die Ein- und Ausgabeschicht lediglich aus einer Ebene bestehen, können beliebig viele Ebenen an Neuronen in der verborgenen Schicht vorhanden sein. Hier werden die empfangenen Informationen erneut gewichtet und von Neuron zu Neuron bis zur Ausgabeschicht weitergereicht. Die Gewichtung findet in jeder Ebene der verborgenen Schicht statt. Die genaue Prozessierung der Informationen ist jedoch nicht sichtbar. Daher stammt auch der Name, verborgene Schicht. Während in der Ein- und Ausgabeschicht die eingehenden und ausgehenden Daten sichtbar sind, ist der innere Bereich des neuronalen Netzes im Prinzip eine Black Box.
- **Ausgabeschicht:** Die Ausgabeschicht ist die letzte Schicht und schließt unmittelbar an die letzte Ebene der verborgenen Schicht an. Die Output-Neuronen beinhalten die resultierende Entscheidung, die als Informationsfluss hervorgeht.

Anwendung von KNN:

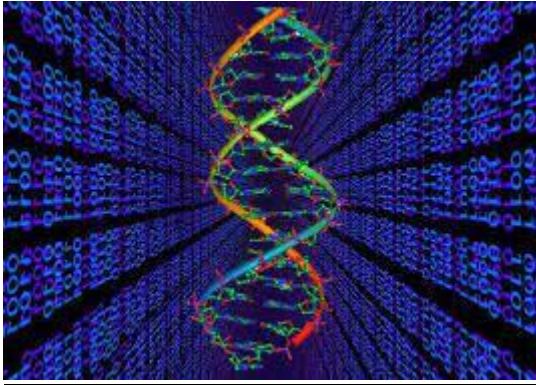
Typischerweise verwendet man KNN für Bereiche an, bei denen wenig systematisches Wissen vorliegt, aber eine große Menge unpräziser Eingabeinformationen (unstrukturierte Daten) verarbeitet werden müssen, um ein konkretes Ergebnis zu erhalten. Das kann zum Beispiel in der Spracherkennung, Mustererkennung, Gesichtserkennung oder Bilderkennung der Fall sein. Weitere Anwendungsfälle für neuronale Netze sind:

- Steuerung von komplexen Systemen
- Autonomes (fahrerloses) Fahren
- Frühwarnsysteme (Raumfahrt, Luftfahrt, Verteidigung)
- Waffensysteme
- verstehen und deuten von natürlicher Sprache
- Betrugserkennung
- Bilderkennung
- Erzeugen von Stimmen
- Übersetzung von Sprache
- Wettervorhersagen
- Wirtschaftssysteme
- Zeitreihenprognosen
- Vorhersage von Kundenverhalten
- Medizinische Systeme (Krankheitsanalysen)
- Biometrische Systeme
- und viele weitere

In unserem Alltag haben sich bereits zahlreiche Produkte und Services integriert, die auf künstlichen, neuronalen Netzen basieren. Global agierende Konzerne wie Google, Facebook oder auch Amazon sind hierbei wichtige Vertreter und gelten mitunter als Vorreiter bei der Entwicklung und Anwendung von Deep Learning und Künstlichen Intelligenzen.

Neuronale Netze sind die Grundlage für künstliche Intelligenz und sind heute schon in der Lage durch gezieltes Training sehr spezifische Aufgaben (schwache Künstliche Intelligenz) zu übernehmen.

DNA-Computer



<https://www.cleanfuture.co.in/2019/03/27/finally-a-dna-computer-that-can-actually-be-reprogrammed/>

Als DNA-, RNA- oder allgemeiner auch Biocomputer werden Computer bezeichnet, die auf der Verwendung der Erbsubstanz Desoxyribonukleinsäure (DNA) oder Ribonukleinsäure (RNA) als Speicher- und Verarbeitungsmedium beruhen.

Die Entwicklung von Biocomputern befindet sich noch in der Anfangs- bzw. Aufbauphase. Die ersten theoretischen Anstöße, dass Datenverarbeitung auf der Basis biologischer Moleküle möglich sein muss, lieferte der Nobelpreisträger Richard Feynman, Begründer der Nanotechnologie, in einem Vortrag zum Ende der 1950er Jahre.

Idee

Die Organisation und Komplexität aller Lebewesen basiert auf einer Codierung mit vier verschiedenen Basen im DNA-Molekül. Dadurch stellt die DNA ein Medium dar, welches für die Datenverarbeitung perfekt geeignet ist. Nach verschiedenen Berechnungen würde ein DNA-Computer mit einer Flüssigkeitsmenge von einem Liter und darin enthaltenen sechs Gramm DNA eine theoretische Speicherkapazität von 3072 Exabyte ergeben. Auch die theoretisch erreichbare Geschwindigkeit wäre enorm. Pro Sekunde ergeben sich etwa 1 Million Tera-Operationen (Maßeinheit für die Leistungsfähigkeit von Prozessoren), während die leistungsfähigsten Computer heute gerade mal eine Tera-Operation pro Sekunde erreichen.

Anwendung DNA Computer

1994 präsentierte Leonard Adleman mit seinem TT-100 den ersten Prototypen eines DNA-Computers in Form eines Reagenzglases mit 100 Mikrolitern DNA-Lösung. Mit Hilfe dieses Gerätes konnte er durch freie Reaktion der DNA einfache mathematische Probleme lösen.

In einem anderen Experiment wurde eine einfache Variante des Problems des

Es wird vorausgesagt, dass DNA-Computer vor allem dort neue Lösungen liefern können sollen, wo sie sich von „traditionellen Computern“ unterscheiden: In der Speicherkapazität und in der Parallelisierung. Ein Anwendungsfeld ist damit z. B. Kryptoanalyse, indem massiv parallel alle möglichen Schlüssel gleichzeitig ausprobiert werden. Dies würde bis jetzt als sicher anerkannte Schlüssellängen, die mit heutigen Computern nicht zu brechen sind, angreifbar machen.

Die Realisierung des DNA-Computers scheitert aktuell vor allem an technischen Problemen. Das Ziel der derzeitigen Forschung ist es, ein Hybridsystem zu schaffen, bei dem der DNA-Technologie elektronische Baugruppen vorgeschaltet werden.

https://www.biologie-seite.de/Biologie/DNA-Computer?utm_content=cmp-true

Die University of Washington forscht zusammen mit Microsoft daran DNA als Speichermedium zu verwenden. Daten sollen so über Jahrhunderte lesbar bleiben und die Fläche eines Rechenzentrums auf einen Würfel geschrumpft werden. Daten werden automatisch in künstlichen DNA-Strängen abgelegt später wieder abgerufen. Die vier Basen Adenin (A), Cytosin (C), Guanin (G) und Thymin (T) werden in einen binären Code von einer Software codiert. Die chemische Fertigung der DNA-Stränge übernimmt eine Synthesemaschine. Beim Abrufen der Daten werden die Basensequenzen der DNA-Stränge und in binären Code übersetzt. Allerdings ist die Lesegeschwindigkeit bisher sehr langsam und das Codieren des Wortes Hello dauert bereits 21 Stunden.

Anfang Juli 2019 gelang es einem DNA-Startup die gesamte englischsprachige Wikipedia mit einer Größe von ca. 16 Gigabyte auf DNA-Strängen zu speichern.[13]

<https://dewiki.de/Lexikon/DNA-Computer>

Der Bioinformatiker (m/w/d)



<https://www.mystipendium.de/studium/bioinformatik>

Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker arbeiten an der Schnittstelle zwischen Biologen, Chemikern, Medizinern und Pharmazeuten. Denn Forschung im Bereich der Lebenswissenschaften findet längst nicht mehr nur im Labor statt. Die ungeheuren Datenmengen, die etwa beim Entschlüsseln von menschlichem, tierischem oder pflanzlichem Erbgut entstehen, müssen verarbeitet und miteinander in Beziehung gesetzt werden, um sie nutzbar zu machen. Das ist Aufgabe der Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker.

Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker arbeiten vornehmlich in der Forschung, entweder an Universitäten oder anderen Forschungseinrichtungen, wie Max-Planck-Instituten, Helmholtz-Instituten, Leibniz-Instituten oder in Forschungsabteilungen der Industrie, insbesondere der pharmazeutischen Industrie, Biotechnologie-Firmen und der chemischen Industrie

Die Industrie legt Wert auf den Abschluss der akademischen Ausbildung mit einer Promotion. Deshalb ist es empfehlenswert nach einem Studienabschluss ein Promotionsstudium anzustreben.

Ebenfalls möglich ist die Tätigkeit bei IT-Dienstleistern oder bei Datenbank- und Softwareanbietern im naturwissenschaftlichen Bereich. Typische Tätigkeitsbereiche sind meist Sequenz- und Genomanalyse, Systembiologie, Softwareentwicklung oder Datenanalyse.

Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker entwickeln und testen Software mit unterschiedlichen biologischen Daten, zu denen Informationen über Gene, Proteine, Stoffwechselfvorgänge, neurologische Prozesse, Signalwege oder ganze Ökosysteme gehören. Dabei ist ein wichtiger Aspekt dieses Berufsfeldes die Anwendung stochastischer und statistischer Methoden, ebenso wie Methoden der Künstlichen Intelligenz. Je nach Einsatzbereich entwickeln Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker auch Software zur 2D-, 3D- und 4D-Simulation sowie Visualisierung biochemischer Prozesse oder sind an der Entwicklung von innovativen Robotik-Systemen beteiligt, die beispielsweise zur Automatisierung von Screeningverfahren eingesetzt werden.

Bioinformatikerinnen und Bioinformatiker fungieren als wichtige Verbindungsstelle zwischen Biologie, Chemie, Pharmazie, Medizin und Informatik, denn sie verstehen die jeweiligen Fachsprachen der anderen Fächer. Mit eigens entwickelten Anwendungen werden beispielsweise Analysen des Erbgutes überwacht oder biologische Prozesse simuliert.

https://www.uni-frankfurt.de/60495562/Bioinformatik___Goethe_Uni

mögliche Studiengänge

- Angewandte Systemwissenschaft
- Bioinformatik (Bachelor, Master, Diplom)
- Bioinformatics and Computational Biology
- Bioinformatik und Genomforschung
- Bioprozessinformatik
- Biosystemtechnik/ Bioinformatik
- Biomathematik
- Biotechnologie/ Bioinformatik

<https://www.pflanzenforschung.de/de/pflanzenwissen/journal/bioinformatik-436>



Diskussionsthema:

Bioinformatik – Welche Zukunftschancen hat die Biochemie ?

Diskussionsanregungen:

- Werden Bioinformatiker überhaupt gesucht ?
 - Wenige Ergebnisse bei der Eingabe des Begriffes „Bioinformatik“ in Jobportalen – wird also wenig gesucht
 - Gibt man „Informatik“ ein, kommen mehr Ergebnisse – ist also mehr gefragt
 - Ähnlich wenig gefragt wie die z. Bsp. Spezialgebiet Geoinformatik
 - Es besteht die Möglichkeit, erst Informatik zu studieren und dann sich zusätzlich zu qualifizieren
 - Einsatzmöglichkeiten mehr im Ausland zu sehen, man muss also bereit sein, international tätig zu sein
 - Man kann als Bioinformatiker auch als „normaler“ Informatiker arbeiten
- Bioinformatik wird voraussichtlich ein wichtiger Bestandteil unserer Zukunft sein
 - So sind die derzeitigen Speicherkapazitäten begrenzt – DNA Computer können unendlich viele Daten speichern
- Ohne KNN wird man zukünftig nicht auskommen
 - Verwendung in der Medizin, Frühwarnsysteme bzw. Wettervorhersagen etc.
- Könnte aber auch für negative Anwendungen missbraucht werden
 - z Bsp. bei der Waffenherstellung