

Bücher und Computersoftware

Objektyp: **Group**

Zeitschrift: **Elemente der Mathematik**

Band (Jahr): **63 (2008)**

PDF erstellt am: **17.09.2024**

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Bücher und Computersoftware

S. Raychaudhuri: Computational Text Analysis for Functional Genomics and Bioinformatics. 312 Seiten, ca. sFr. 70.–. Oxford University Press, New York, 2006; ISBN 0-1985-6741-3.

Seit der Entschlüsselung des menschlichen Genoms ist es für viele biologische und medizinische Untersuchungen zur Gewohnheit geworden, mit riesigen Datenmengen zu arbeiten. Dank der Sequenzierung diverser menschlicher Individuen sind heute mehrere Millionen Stellen in unserem Genom bekannt, an denen sich Personen unterscheiden können – sogenannte *Single Nucleotide Polymorphisms*, kurz SNPs. Moderne molekularbiologische Methoden erlauben es, den Zustand von über hunderttausend der SNPs eines Individuums kostengünstig und schnell zu bestimmen. Etliche dieser SNPs können mit Krankheiten oder Medikamentenunverträglichkeit assoziiert werden. Weitere Methoden erlauben es, die Expression von Zehntausenden von Genen einer Zelle zu bestimmen, ein Umstand, der wesentlich zu unserem Verständnis von Krankheiten beitragen wird.

Solche genomischen Methoden haben ein grosses Potential, die Medizin zu revolutionieren und individuell abgestimmte Therapien zu ermöglichen. Dies aber nur, wenn es gelingt, aus den riesigen Datenmengen wertvolle Informationen zu extrahieren. Es liegt auf der Hand, dass eine bestimmte Sequenz innerhalb des menschlichen Genoms – welches rund 3 Milliarden Basenpaare umfasst – nur mit Hilfe intelligenter Computeralgorithmen gefunden werden kann. Soumya Raychaudhuri argumentiert in seinem Buch, dass der Bestand der wissenschaftlichen Literatur eine zusätzliche und oft vernachlässigte Datenquelle ist, die zur Analyse genomischer Daten mit Hilfe von Computeralgorithmen herangezogen werden kann.

Er beginnt mit einer knappen, aber gut verständlichen Einführung in die modernen molekularbiologischen Methoden und deren Anwendungen, in die wichtigsten Begriffe der Wahrscheinlichkeitstheorie und Statistik sowie in alle bedeutenden öffentlich zugänglichen Datenbanken. Detaillierter folgen Algorithmen zur Analyse von Sequenz- und Expressionsdaten und eine Einführung in das Vokabular von verschiedenen Annotationsbibliotheken, welche Genen Funktionen eindeutig zuordnen. Das grösste Gewicht aber erhalten die Methoden zur Extraktion von gewünschten Informationen aus der wissenschaftlichen Literatur sowie die zahlreichen Beispiele von Anwendungen dieser vorgestellten Methoden.

Das Buch ist allgemein verständlich, richtet sich aber in erster Linie an Studenten der Genomik. Es ist Interessierten mit anderem Hintergrund zwar leicht zugänglich, bietet jedoch keine detaillierte Einführung in das Fachgebiet der Genomik. Viel Platz wird Beispielen von Anwendungen eingeräumt, welche sich oft als Kampagne zur Nutzung des grossen Körpers der wissenschaftlichen Literatur mit Hilfe von Computeralgorithmen herausstellen. Obwohl dieser Ansatz durchaus seine Berechtigung hat, ist leider wenig ersichtlich, wie allgemeingültig die vorgestellten Methoden sind. Für Studenten der Genomik andererseits hat dieses Buch das Potential, zur Pflichtlektüre zu werden. Ebenso empfehlenswert ist es für Mathematiker, Statistiker und Informatiker, die sich schnell in die Herausforderungen der Datenanalyse der Genomik einlesen möchten, insbesondere für solche, die in Kollaboration mit Biologen genomische Daten analysieren möchten.

Daniel Wegmann, Bern

M. Mashaal: Bourbaki. A Secret Society of Mathematicians. 260 Seiten, \$ 29.00. American Mathematical Society, 2006; ISBN 0-8218-3967-5.

Falls es Mathematiker gibt, die als „cool“ bezeichnet werden können, so sind es sicherlich die Mitglieder der Bourbaki-Gesellschaft. Unter diesem Pseudonym – der wahre Bourbaki war ein französischer General – publizierte eine Gruppe französischer Mathematiker in den vergangenen Jahrzehnten eine Reihe bahnbrechender

Werke, die die verschiedenen Zweige der Mathematik auf ein modernes Fundament stellen sollten. Die American Mathematical Society hat kürzlich ein reich bebildertes Buch herausgegeben, in dem das Geheimnis um diese mysteriöse Gruppe gelüftet wird. Der Autor, Maurice Mashaal, beschreibt die Protagonisten der Geheimgesellschaft und schildert ihre Ziele, Erfolge und Misserfolge in einem unterhaltsamen und erfrischend lesbaren Stil.

Die Gruppe entstand, nachdem eine grosse Zahl vielversprechender junger französischer Mathematiker im Ersten Weltkrieg gefallen war. Dies hatte dazu geführt, dass nachfolgende Studenten von älteren Professoren unterrichtet wurden, deren Wissen im vergangenen Jahrhundert verwurzelt und daher hoffnungslos veraltet war.

Die Namen der Mitglieder von Bourbaki wurden geheim gehalten. Man wusste bloss, dass sie grösstenteils Absolventen der französischen Elitehochschule Ecole Normale Supérieure waren und Mathematik mit Hingebung, aber auch mit Humor betrieben. Um die Jugendfrische der Gesellschaft zu wahren, mussten die Angehörigen der Gesellschaft im Alter von 50 Jahren zurücktreten. Obwohl sie unter ihren eigenen Namen Bahnbrechendes veröffentlichten, zeichnete sich das Gesamtwerk der Bourbaki-Gesellschaft nicht durch neue Errungenschaften aus, sondern vielmehr durch eine damals ungewohnte Strenge. Die Einheit der Mathematik war den Mitgliedern ein besonderes Anliegen. In allen Zweigen der Mathematik wurden Strukturen untersucht und Theoreme aus Axiomen hergeleitet und streng bewiesen. Nie wurde an die Intuition appelliert, weshalb im Gesamtwerk keine Illustrationen und nur wenige Beispiele zu finden sind. Dadurch wurden die bewiesenen Lehrsätze so all-gemeingültig wie überhaupt möglich.

Die Bourbaki-Tagungen, die mehrmals jährlich stattfanden, können nicht anders denn als chaotisch beschrieben werden. Da es keinen Vorsitzenden gab und alle mathematischen und redaktionellen Entscheide einstimmig akzeptiert werden mussten, kam es andauernd zu Geschrei, handfesten Streitigkeiten und Beleidigungen. Andererseits gehörten Wandern, Schwimmen und guter Wein ebenso zur Tagesordnung wie Possen und Streiche. Bourbakis Einfluss auf die Mathematik weltweit war enorm. Doch als andere den trockenen Stil und die Rigorosität nachahmten, begann der Stern von Bourbaki zu sinken. Mit der Zeit wurde scharfe Kritik an Bourbaki laut, so zum Beispiel, dass die Gesellschaft die Logik gänzlich vernachlässige und alles, was nur irgendwie an angewandte Mathematik erinnere, fast mit Verachtung belege. Seit 1998 hat die Gruppe nichts mehr publiziert.

Mashaal arbeitet eines der interessantesten Kapitel der modernen Mathematik auf. Das Buch enthält nicht nur Historisches, sondern auch mathematische Details. Weiterführende Ausführungen sind jeweils in Kästchen enthalten, die vom Leser übergangen werden können.

George Szpiro, Jerusalem

Wir danken dem Autor für die freundliche Genehmigung, seine Buchbesprechung aus der Beilage *Forschung und Technik* der *Neuen Zürcher Zeitung* vom 1. November 2006 hier erneut abdrucken zu dürfen.