



Curriculum Vitae Professor Dr. Dr. Thomas Lengauer



Name: Thomas Lengauer
Geboren: 12. November 1952

Forschungsschwerpunkte: Bioinformatik, Virale Resistenzanalyse, Analyse epigenomischer Daten

Akademischer und beruflicher Werdegang

- 2018 Emeritiertes Mitglied am Max-Planck-Institut für Informatik
- 2019 Honorarprofessor an der Universität zu Köln
- seit 2003 Honorarprofessor an der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
- seit 2001 Honorarprofessor an der Universität des Saarlandes
- 2001 - 2018 Direktor am Max-Planck-Institut für Informatik, Saarbrücken
- 1992 - 2001 Professor für Informatik an der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn
- 1992 - 2001 Direktor am Institut für Algorithmen und Wissenschaftliches Rechnen der GMD – Forschungszentrum Informationstechnik, Sankt Augustin
- 1984 - 1992 Professor für Informatik an der Universität Paderborn
- 1984 Habilitation in Informatik an der Universität des Saarlandes
- 1981 - 1984 Wissenschaftlicher Mitarbeiter an der Universität des Saarlandes, Fachrichtung Informatik
- 1979 - 1981 Member of Technical Staff, Bell Laboratories, Murray Hill, New Jersey, USA
- 1979 Ph.D. in Computer Science, Stanford University, Kalifornien, USA
- 1975 - 1979 Promotionsstudium an der Stanford University, Kalifornien, USA

- 1977 M.Sc. in Computer Science, Stanford University, Kalifornien, USA
- 1976 Promotion in Mathematik, Freie Universität Berlin
- 1975 Diplom in Mathematik, Freie Universität Berlin
- 1971 - 1975 Mathematikstudium an der Freien Universität Berlin
- 1970 - 1975 Studentische Hilfskraft am Hahn-Meitner-Institut für Kernforschung, Berlin

Projektkoordination, Mitgliedschaft in Verbundprojekten (Auswahl)

- seit 2012 Partner im BMBF-Projekt DEEP (Deutsches Epigenomprojekt), Koordinator für Datenanalyse
- seit 2011 Partner im EU-Projekt PREDEMICS über emergente Zoonosen
- seit 2011 Partner im EU-Projekt BLUEPRINT über Epigenetik des Blutes
- 2008 - 2011 Koordinator des BMBF-Projektes Patient- and Drug-specific Models for HIV Cell Entry
- 2005 - 2008 Partner im EU-Projekt EuResist über bioinformatische HIV-Resistenzanalyse
- seit 2005 Partner in der Klinischen DFG-Forschergruppe „Mechanismen der Resistenzentwicklung und Optimierung antiviraler Strategien bei Hepatitis C Virusinfektion unter Einbeziehung integrativer Modelle der Biomathematik und Bioinformatik“
- 2004 - 2008 Partner im EU-Netzwerk Biosapiens über die bioinformatische Annotation des menschlichen Genoms
- 2000 - 2003 Koordinator des Helmholtz-Netzwerks für Bioinformatik (BMBF-Projekt)
- 1998 - 2005 Sprecher des DFG-Schwerpunktprogramms „SPP 1063: Informatikmethoden zur Analyse und Interpretation großer genomischer Datenmengen“
- 1995 - 2000 Sprecher des DFG-Schwerpunktprogramms „SPP 731: Effiziente Algorithmen für diskrete Probleme und ihre Anwendungen“
- 1995 - 2000 Partner im DFG-Sonderforschungsbereich Anorganische Festkörper ohne Translationssymmetrie
- 1993 - 1997 Wissenschaftlicher Koordinator der BMBF-Strategieinitiative Molekulare Bioinformatik (mit Dietmar Schomburg)
- 1992 - 1995 Partner in der DFG-Forschergruppe Effiziente Nutzung massiv paralleler Systeme
- 1987 - 1990 Vorstandsmitglied der Kooperation cadlab zwischen der Universität Paderborn und der Nixdorf GmbH
- 1983 - 1984 Partner im DFG-Sonderforschungsbereich VLSI und Parallelität

Funktionen in wissenschaftlichen Gesellschaften und Gremien

- seit 2018 Präsident der International Society for Computational Biology
- seit 2015 Mitglied des Präsidiums der Leopoldina
- 2014 - 2016 Vizepräsident der International Society for Computational Biology
und 2011-2013
- seit 2013 Mitglied der Wissenschaftlichen Kommission der Einstein Stiftung, Berlin
- 2006 - 2015 Mitglied des Senats der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina
- 2005 - 2012 Mitglied des Kuratoriums des Fraunhofer Instituts für Algorithmen und
Wissenschaftliches Rechnen
- 2005 - 2017 Mitglied des Board of Directors der International Society for Computational Biology
- 2005 - 2009 Mitglied des Stiftungsrates der Beilstein Stiftung
- seit 2004 Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates des Bonn-Aachen International Center for
Information Technology
- 2004 - 2009 Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates des Swiss Institute for Bioinformatics (2004
- 2007 Vorsitzender)
- 2002 - 2011 Mitglied des Kuratoriums des Heinz Nixdorf-Instituts Paderborn
- 1999 - 2006 Mitglied des Wissenschaftlichen Beirates des BMBF Projektes GABI (Genomanalyse
im biologischen System Pflanze)
- 1995 - 2010 Mitgründer und Mitglied des Leitungsgremiums der Konferenzserie Annual
Conference on Computational Biology (RECOMB)
- 1991 - 1995 Mitglied des Präsidiums der Gesellschaft für Informatik (1994-1995 Vizepräsident)
- 1997 - 2002 Gründungsmitglied des Board of Directors der International Society for
Computational Biology (1999 - 2000 Vizepräsident)
- 1993 - 2013 Mitglied des Dechema-Fachausschusses Bioinformatik (seit 2006 Sprecher)

Auszeichnungen und verliehene Mitgliedschaften

- 2021 Fellow der Association for Computing Machinery
- 2015 Fellow der International Society for Computational Biology
- 2015 Hector-Wissenschaftspreis
- 2011 AIDS Forschungspreis der Heinz-Ansmann-Stiftung (zusammen mit Rolf Kaiser,
Universität zu Köln, und Marc Oette, Krankenhaus der Augustinerinnen, Köln)
- seit 2010 Mitglied der Academia Europaea

- seit 2007 Mitglied von acatech – Deutsche Akademie der Technikwissenschaften
- seit 2003 Mitglied der Nationalen Akademie der Wissenschaften Leopoldina
- 2003 Karl-Heinz Beckurts-Preis
- 2003 Konrad Zuse-Medaille der Gesellschaft für Informatik
- 1972 - 1977 Mitglied der Studienstiftung des deutschen Volkes

Forschungsschwerpunkte

Thomas Lengauer begann als Mathematiker in den 1970er Jahren und wandte sich dann der Theoretischen Informatik zu. In den 1980er Jahren hat er die algorithmischen Grundlagen für den Entwurf hochintegrierter Schaltkreise erforscht. In den 1990er Jahren begann er seine Forschung in der Bioinformatik, zunächst mit der Bearbeitung von grundlegenden Problemen wie der Proteinfaltung und pharmazeutischen Fragen wie der Suche nach Wirkstoffen für gegebene Zielproteine.

Seit der Jahrtausendwende hat Lengauer zunehmend medizinische Fragestellungen untersucht. Im Vordergrund steht hier die Resistenzanalyse bei viralen Infektionen, vornehmlich HIV. Grundlagenseitig trat in jüngster Zeit die Analyse epigenomischer Daten in den Vordergrund.