

Prof. Dr. med. Thomas Dandekar

Lehrstuhl für Bioinformatik, Biozentrum

Akademischer Werdegang

geb. 1960

- 1980 - 1986 Studium Humanmedizin (Ludwig-Maximilians-Universität München).
- 1983 - 1986 Promotion Medizin (Prof. R. Schultz), Neuropharmakologie, Max-Planck-Institut für Psychiatrie, München
- 1986 - 1988 Post-Doktorand Institut Pasteur, Paris (Prof. J. Davies); DFG-Stipendium für molekularbiologische Techniken und Forschungsarbeiten
- Seit 1988 European Molecular Biology Laboratory (Heidelberg)
- Seit 1990 Bioinformatische und experimentelle Analysen von regulatorischer RNA und Proteinen
- Seit 1996 Bioinformatische Analyse von zellulären Interaktionen und Netzwerken
- 1994 Habilitation für Biochemie (Prof. R.H. Schirmer), Universität Heidelberg
- 1996 Facharztanerkennung für Biochemie
- 2000 apl. Professor für Biochemie, Universität Heidelberg

Wissenschaftlicher Werdegang

- 1997-2002 kooptiert am Max-Delbrück-Centrum für Molekulare Medizin, Berlin
- 1998-2001 Graduiertenkolleg "Control of gene expression in pathogens", Projektleiter
- 1998-2004 SPP 1063, Projektleiter "New methods to analyze large genome data"
- Seit 1999 SFB544, "control of tropical infectious diseases", Projektleiter
- 2000-2001 Leitung Arbeitsgruppe ("Biocomputing and Biological Structures")
Institut für Molekulare Medizin, Uni Freiburg
- 2001 Professur (C4 / Gründungsprofessur) Lehrstuhl für Bioinformatik am
Theodor Boveri Institut, Universität Würzburg
- 2003-2005 Stellvertretender Sprecher des Biozentrums
- 2003-2006 SPP 1150, Projektleiter "Modelling actin nucleation in the phagosome"
- Seit 2004 Co-ordinator "Helmholtz open source bioinformatics technology", Projektleiter
Universität Würzburg
- Seit 2004 Internationales Graduiertenkolleg "Leistrukturen der Zellfunktion", Projektleiter
- 2004-2007 BMBF Netzwerk, Projektleiter "Analyzing the listeria genus"
- 2005-2007 Sprecher des Biozentrums
- Seit 2007 Projektleiter, Transregio 34, "Pathophysiology of Staphylococci"
- 2007- Prodekan der Fakultät für Biologie

Fachgebiet und Wissenschaftliche Schwerpunkte

- **Fachgebiet: Bioinformatik**
- **Wissenschaftliche Schwerpunkte**
 - Bioinformatische Analyse von RNA- und Proteinsequenzen
Identifikation regulatorischer Elemente, Domänenidentifikation, Genom-annotation, Proteinfunktionsvorhersagen
 - Bioinformatische Analyse von Proteinstrukturen und -interaktionen
Homologiemodelle, *ab initio* Vorhersagen, Modelle von Proteininteraktionen
 - Bioinformatische Analyse von Signalkaskaden und zellulären Netzwerken.
Netzwerkanalyse, Genexpressionsanalyse, metabolische Modellierung,
Modellierung von zellulären Netzwerken und Signalkaskaden

Auszeichnungen (Auswahl)

1979	Dritter Preis im Bundeswettbewerb Mathematik
1980-1986	Bayerisches Hochbegabtenstipendium
1988-1991	Boehringer Ingelheim Fellow
2001/2002	Mehrere Rufe auf Bioinformatik Lehrstühle
2007	BMC Hot 100 Scientist (für Top Open Access Publications)
2004/2008	Wahl zum Fachkollegiat der DFG für Bioinformatik / Wiederwahl

Zehn wichtige Publikationen seit 2004 (* SFB 688 gefördert)

Thakar, J., Schleinkofer, K., Borner, C. und **Dandekar, T.** (2006) RIP death domain structural interactions implicated in TNF-mediated proliferation and survival. *Proteins, Structure, Function and Bioinformatics*, 63, 413-423.

*Dittrich, M., Smolenski, A., Herterich, S., Birschmann, I., Walter, U. und **Dandekar, T.** (2006) Analysis of SAGE data in the platelet: Features of active translation and regulation. *Thromb Haemost.*, 95, 643-651.

Liang, C. und **Dandekar, T.** (2006) inGeno – an integrated genome and ortholog viewer for improved genome to genome comparisons. *BMC Bioinformatics*, 7, 461-471.

Deeken, R., Engelmann, J.C., Efetova, M., Czirjak, T., Müller, T., Kaiser, W.M., Tietz, O., Krischke, M., Müller, M.J., Palme, K., **Dandekar, T.** und Hedrich, R. (2006) An Integrated View of Gene Expression and Solute Profiles of Arabidopsis Tumors: A Genome-Wide Approach. *Plant Cell*, 18, 3617-3634.

*Blenk, S., Engelmann, J., Weniger, M., Schultz, J., Dittrich, M., Rosenwald, A., Müller-Hermelink, H. K., Müller, T. und **Dandekar, T.** (2007) Germinal center B cell-like (GCB) and activated B cell-like (ABC) type of diffuse large B cell lymphoma (DLBCL): Analysis of molecular predictors, signatures, cell cycle state and patient survival. *Cancer Informatics*, 3, 409-430.

*Birschmann I., Mietner S., Dittrich M., Pfrang J., **Dandekar T.**, Walter U. (2008) Use of functional highly purified human platelets for the identification of new proteins of the IPP signaling pathway. *Thromb Res.*, 122, 59-68.

Schwarz, R., Liang, C., Kaleta, C., Kuhnel, M., Hoffmann, E., Kuznetsov, S., Hecker, M., Griffith, G., Schuster, S. und **Dandekar, T.** (2007) Integrated network reconstruction, visualization and analysis using YANAsquare. *BMC Bioinformatics*, 8, 313-323.

*Blenk, S., Engelmann, J.C., Pinkert, S., Weniger, M., Schultz, J., Rosenwald, A., Müller-Hermelink, H.-K., Müller, T., und **Dandekar, T.** (2008) Explorative data analysis of MCL reveals gene expression networks implicated in survival and prognosis supported by explorative CGH analysis, 8, 106-116.

*Dittrich, M., Birschmann, I., Mietner, S., Sickmann, A., Walter, U. und **Dandekar, T.** (2008) Platelet protein interactions: map, signaling components and phosphorylation groundstate. *Arteriosclerosis, Thrombosis, and Vascular Biology*, 28, 1326-1331

*Dittrich, M., Klau, G., Rosenwald, A., **Dandekar, T.**, Müller, T. (2008) Identifying functional modules in protein-protein interaction networks: an integrated exact approach. , 24, i223-31. („ISMB best paper award“)

+ *Insgesamt 129 Originalarbeiten; 54 refereed reviews; 3 Patente*