

	<p style="text-align: center;"><b>Wissenschaftsforum St. Ingbert</b></p> <p>Im MINT-Campus Alte Schmelz e.V.</p> <p><b>In Kooperation mit</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Initiative Alte Schmelz St. Ingbert eV</li> <li>- Stadt St. Ingbert / Bereich Bildung</li> </ul>	<p><a href="http://www.mintcampus.de">www.mintcampus.de</a> → <i>Wissenschaftsforum</i></p> <p>Koordination: Prof. a.D. Dr.- Ing. Horst Altgeld</p> <p>Kontakt e-mail: <a href="mailto:horst.altgeld@mintcampus.de">horst.altgeld@mintcampus.de</a></p>
<p><b>Einladung</b> zur öffentlichen Veranstaltung - <b>kostenfrei</b></p>	<p style="text-align: center;"><b>am Di, 09.04. 2019</b></p> <p style="text-align: center;"><b>ab 19:30 Uhr</b></p>	<p><b>im ehemaligen KONSUM Alte Schmelz 64, IGB</b> (gegenüber der alten Möllers- halle – im Foto links)</p>

## Bioinformatik: Von der Genomforschung zur computergestützten Medizin

**Referent: Prof. Dr. Hans-Peter Lenhof**

Zentrum für Bioinformatik, Universität des Saarlandes

Die Bioinformatik spielt heute in vielen Bereichen der Lebenswissenschaften und besonders in der medizinischen und pharmazeutischen Forschung eine zentrale Rolle. Enorme Fortschritte bei biotechnologischen Messverfahren haben dazu geführt, dass man heute genetische und biochemische Prozesse parallel in vielen einzelnen Zellen eines biologischen Systems, z.B. eines Organs oder eines Tumors, auf molekularer Ebene zeitaufgelöst untersuchen kann. Bei diesen neuen Sequenzierungs- bzw. Hochdurchsatzverfahren werden gigantische Datenmengen generiert, deren Auswertung nur mittels leistungsfähiger bioinformatischer Verfahren möglich ist. Die Anwendung dieser Kombination von Biotech-Verfahren und Bioinformatik auf entwicklungsbiologische Fragestellungen, wie der Entwicklung von Organen oder ganzen Organismen aus einzelnen Zellen (Zelle für Zelle) zu folgen, wurde von der Zeitschrift Science gerade erst zum wissenschaftlichen Durchbruch des Jahres 2018 gewählt.

Der Vortrag gibt einen Überblick über eine Reihe von medizinischen und pharmazeutischen Fragestellungen, die am Zentrum für Bioinformatik erforscht werden, und die bioinformatischen Methoden, die zur Lösung dieser Probleme eingesetzt werden. Die im Vortrag diskutierten Anwendungen reichen hierbei von der biomedizinischen Grundlagenforschung über die Entwicklung von Grippeimpfstoffen, die Vorhersage der Wirksamkeit/Resistenz von Antibiotika, die Entwicklung neuer diagnostischer Verfahren für Krebs und neurodegenerative Erkrankungen (z.B. Alzheimer) bis hin zur Entwicklung neuer Ansätze für die Therapie von Krebs und viralen Infektionen.

**Zum Referenten: nächste Seite**

**Hans-Peter Lenhof** studierte an der Universität des Saarlandes Mathematik und Chemie und erwarb 1989 ein Diplom in Mathematik. Als Doktorand forschte er in der Arbeitsgruppe von Kurt Mehlhorn am Max-Planck-Institut für Informatik in Saarbrücken und schloss im Jahr 1993 die Promotion in Informatik an der Universität des Saarlandes ab. Im Jahr 1999 erwarb er die Habilitation (Venia Legendi) im Fach Informatik an der Universität des Saarlandes und wurde im gleichen Jahr Forschungsgruppenleiter (C3) in der Arbeitsgruppe von Kurt Mehlhorn am MPI für Informatik. Im Jahr 2000 erhielt er Rufe auf C4-Lehrstühle für Bioinformatik an der Universität Bielefeld, der LMU München und der Universität des Saarlandes. Seit 2000 leitet er den Lehrstuhl für Bioinformatik an der Universität des Saarlandes. In den Jahren 2000/2001 hat er das Zentrum für Bioinformatik der Universität des Saarlandes eingerichtet und etablierte für die Bioinformatik den ersten Bachelor-Master-Studiengang der UdS.