Stefan Burkhardt

Wissenschaftlicher Werdegang

Studium

Studium der Informatik an der Universität (TU) Braunschweig von 1991 bis 1993, an der Universität des Saarlandes von 1993 bis 1997. Studienschwerpunkte: Paralleles Rechnen, Computergrafik, Softwaredesign

Studienarbeit:	"Parallele Implementierung eines Mehrgitterverfahrens auf einem Intel Hypercube" Institut für Rechnerarchitektur und Parallelrechner (Prof. Dr. W. J. Paul)
Diplomarbeit:	"Parallele Implementierung des Lanczos Verfahrens über $\mathbb{Z}$ modulo P" Institut für Kryptographie, Computeralgebra (Prof. Dr. J. Buchmann)

Diplom mit dem Ergebnis "Sehr gut"

Promotion am Max-Planck-Institut für Informatik, Saarbrücken und an der Universität des Saarlandes von 1997 bis 2002, Arbeitsgruppen Prof. Mehlhorn bzw. Prof. Lenhof

Forschung Arbeiten auf den Gebieten: Genomic Databases, Approximate String Matching, Filter Algorithms, Text Indexing[1–3]. Abschluß dieser Arbeiten mit der Promotion.

Dissertation:	"Filter Algorithms for Approximate String Matching [4]"
Hauptreferent:	Prof. Dr. Hans-Peter Lenhof
Korreferent:	Prof. Dr. Esko Ukkonen
Ergebnis:	"Magna cum laude"

Lehre

Teile der Vorlesungen "Computational Molecular Biology", "Grundlagen der Informatik IV"
Teil der Kurzvorlesung "Filter algorithms for approximate string matching"
Seminare mit dem Themengebiet Bioinformatik

Postdoc am Max-Planck-Institut für Informatik, Saarbrücken von 2003 bis 2004, Arbeitsgruppe Prof. Mehlhorn

Arbeit auf den Gebieten: Approximate String Matching, Filter Algorithms, Text Indexing [5,6,7]

Lehre

Betreuung der Diplomarbeit von Marc Fontaine. Abschluss mit einer gemeinsamen Publikation auf dem Prague Stringology Workshop 2004.

Gastwissenschaftler an der Universität Helsinki ab 2004, Arbeitsgruppe Prof. Ukkonen

Arbeit auf dem Gebiet: Approximate Matching of Biological 3D Strucure Data [8].

Industrietätigkeit

1.8.92 – 30.9.92	Kendall Square Corporation, Waltham, Massachusetts, USA, Portierung der IMSL-Bibliothek auf die KSR-1
1.8.00 – 18.10.00	Celera Genomics, Rockville, Maryland, USA, Mitarbeit an der Sequenzierung des Maus-Genoms unter Zuhilfenahme von Vergleichen mit dem Genom des Menschen. genome based on Human data

Publications

1 S. Burkhardt and A. Crauser and P. Ferragina and H.-P. Lenhof and E. Rivals and M. Vingron, *q-gram based database searching using a suffix array*, Proceedings of the 3rd Annual International Conference on Computational Molecular Biology (RECOMB-99), Lyon, France, ACM Press, 1999, pp. 77–83

2 S. Burkhardt and J. Kärkkäinen, *Better filtering with gapped q-grams*, Proceedings of the 12th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching, Springer, LNCS 2089, 2001, pp. 73–85

3 S. Burkhardt and J. Kärkkäinen, *One–gapped q-gram filters for Levenshtein distance*, Proceedings of the 13th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching, Springer, LNCS 2373, 2002, pp. 225–234.

4 S. Burkhardt, *Filter Algorithms for Approximate String Matching*, Ph.D. thesis, Saarland University, 2002

5 S. Burkhardt and J. Kärkkäinen, *Fast lightweight suffix array construction and checking* Proceedings of the 14th Annual Symposium on Combinatorial Pattern Matching, Springer, LNCS 2676, 2003, ppp. 55–69.

6 S. Burkhardt and J. Kärkkäinen, *Better filtering with gapped q-grams* Fundamenta Informaticae 56 (1-2), 2003, pp. 51–70.

7 M. Fontaine and S. Burkhardt and J. Kärkkäinen, *BDD-Based Analysis of Gapped q-Gram Filters* Prague Stringology Conference 2004 (PSC '04), pp. 56-68

8 S. Burkhardt and K. Fredriksson and T. Ojamies and J. Ravantti and E. Ukkonen, *Local approximate 3D matching of proteins in viral cryo-EM density maps* Proc. 2nd International Symposium on 3D Data Processing, Visualization and Transmission (3DPVT '04), pp. 979-986