

Dr. Clemens Gröpl



Anschrift Zingster Straße 25
 13051 Berlin

Telefon Mobil: +49 176 49537471
 Festnetz: +49 30 4559069

E-Mail clemens.groepl@gmail.com

Webseite www.alice-dsl.net/clemens.groepl/

geboren am 13.09.1968 in Mannheim

Familienstand geschieden, keine Kinder

Profil

- Softwareentwickler mit mehrjähriger Programmiererfahrung, unter anderem in den Bereichen Fahrzeugnavigation und Auswertung von Messdaten
- Promovierter Informatiker und Diplom-Mathematiker mit wissenschaftlichen Erfolgen in den Bereichen Bioinformatik, Kombinatorik, Algorithmen und Graphentheorie
- Vielseitig interessiert, fähig sich immer wieder in neue Gebiete einzuarbeiten

Angestrebte Position

- Anspruchsvolle Softwareentwicklung (bevorzugt in C++), Methodenentwicklung, technische Projektleitung

Beruflicher Werdegang

- 4/2010 – 2/2012 **TomTom Development GmbH, Berlin**
Algorithm Engineer (Softwareentwickler) im Bereich „Navigation Engine and Services“ (route finding)
- Konzepterstellung, Entwicklung, Integration und Test von Algorithmen und Softwarekomponenten für den effizienten Zugriff auf digitale Karten.
 - Wichtige Erfolge hierbei:
 - Existierende Zugriffslogik für Kartendaten refaktoriert, so dass zwei sehr verschiedene Dateiformate unterstützt werden
 - Methode und Datenstruktur für geometrische Suchanfragen entworfen und implementiert
 - Build-System von Makefiles auf CMake umgestellt, unterstützt außer Linux jetzt auch Android und Windows
 - Richtlinien zur Dokumentation mit Doxygen eingeführt
 - Weitere Tätigkeitsmerkmale: Agile Softwareentwicklung (Scrum), C++, Unit testing (GTest), Code reviews (Crucible), Versionsverwaltung (Perforce), Eclipse CDT, Emacs, Linux, Android
- 4/2009 – 2/2010 **Universität Greifswald**
Professur (Vertretung), Fachgebiet: Bioinformatik
- Eigene Lehrveranstaltungen siehe Anlage
- 4/2006 – 3/2009 **Freie Universität Berlin**
Wissenschaftlicher Mitarbeiter (Postdoktorand) in der Arbeitsgruppe „Algorithmische Bioinformatik“ von Prof. Knut Reinert
- Wissenschaftliche Forschung im Bereich Analyse von Messdaten aus Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie (LC-MS) Experimenten in der Proteomforschung
 - Neuartige Auswertungsverfahren wurden in C++ implementiert. Wichtige eigene Beiträge zum open-source Projekt www.openms.de:
 - Extraktion von Signalen einzelner Komponenten (z.B. Peptide)
 - Alignierung der LC-Dimension über mehrere Messungen
 - Finden von Übereinstimmungen und Unterschieden
 - Unit testing framework weiterentwickelt
 - Koordination der Arbeiten im Berliner Team
 - Wissenschaftliche Forschung zur Enumeration planarer Graphen mit Implementation entsprechender Algorithmen
 - Eigene Lehrveranstaltungen siehe Anlage
- 10/2005 – 3/2006 **Universität Halle**
Professur (Vertretung), Fachgebiet: Bioinformatik
- Eigene Lehrveranstaltungen siehe Anlage
- 3/2003 – 9/2005 **Freie Universität Berlin**
Wissenschaftlicher Mitarbeiter (Postdoktorand) in der Arbeitsgruppe „Algorithmische Bioinformatik“ von Prof. Knut Reinert
- Tätigkeiten sind zusammengefasst unter 4/2006 – 3/2009

- 3/1999 – 2/2003 **Humboldt-Universität zu Berlin**
Wissenschaftlicher Mitarbeiter (Postdoktorand) in der Arbeitsgruppe „Algorithmen und Komplexität“ von Prof. Hans-Jürgen Prömel
- Wissenschaftliche Forschung zu Approximationsalgorithmen bzw. Nichtapproximierbarkeitsaussagen für das Steinerbaumproblem in Graphen
 - Wissenschaftliche Forschung zur Enumeration planarer Graphen und Implementation entsprechender Algorithmen
 - Eigene Lehrveranstaltungen siehe Anlage
- 1/1998 – 2/1998 **IBM Deutschland Entwicklung GmbH, Böblingen**
Werkstudent in der Abteilung „EL HD PSS FE Tools Entw“
- Implementation (in C++) von Simulated Annealing für das Variablenordnungsproblem in Ordered Binary Decision Diagrams
- 4/1996 – 11/1998 **Humboldt-Universität zu Berlin**
Stipendiat im Graduiertenkolleg „Algorithmische Diskrete Mathematik“ in der Arbeitsgruppe von Prof. Hans-Jürgen Prömel
- Wissenschaftliche Forschung zum Einfluss der Variablenordnung auf die Größe von Ordered bzw. Free Binary Decision Diagrams für die Repräsentation von zufälligen Booleschen Funktionen
- 7/1995 – 3/1996 **Humboldt-Universität zu Berlin**
Studentische Hilfskraft in der Arbeitsgruppe von Prof. Hans-Jürgen Prömel, Projektleiter: Dr. Anand Srivastav
- Formale Verifikation von VLSI-Designs mit OBDD-basierten Methoden
 - Kooperation mit der IBM Deutschland Entwicklung GmbH, Böblingen

Akademische Grade

- 12/2009 **Habilitation (Mathematik und Informatik)**
Freie Universität Berlin
Verleihung der Lehrbefähigung
- Hierzu wurden 16 Originalarbeiten für das kumulative Habilitationsverfahren ausgewählt
 - Titel der Habilitationsschrift: „Untersuchungen zum Steinerbaumproblem in Graphen, zur Enumeration zufälliger planarer Graphen, und zu Algorithmen in der massenspektrometrie-basierten Proteomik“
- 5/1999 **Promotion (Dr. rer. nat.)**
Humboldt-Universität zu Berlin
Note: magna cum laude
- Titel der Dissertation: „Binary Decision Diagrams for Random Boolean Functions“

3/1996 **Diplom (Mathematik)**
Universität Bonn
Note: sehr gut
- Titel der Diplomarbeit: „Über Approximationsalgorithmen zur
Färbung k -färbbarer Graphen, die vektorchromatische Zahl und
andere Varianten der ϑ -Funktion“

Studium, Zivildienst, Schulausbildung

4/1989 – 3/1996 **Studium Mathematik (Diplom), Nebenfach Philosophie**
an den Universitäten Marburg und Bonn

10/1987 – 5/1989 **Zivildienst** in der Lebensgemeinschaft Bingenheim für Seelenpflege-
bedürftige Menschen, Arbeit mit geistig behinderten Menschen

9/1978 – 6/1987 **Albert-Einstein-Gymnasium**, Frankenthal, Abiturnote: 1,4

9/1974 – 8/1978 **Grundschule** Beindersheim

Sprachkenntnisse

Deutsch	Muttersprache
Englisch	fließend in Wort und Schrift, derzeit Arbeitssprache
Latein	großes Latinum
Französisch	Grundkenntnisse

Dr. Clemens Gröpl, Berlin, 9. Februar 2012

Eigene Lehrveranstaltungen

- WS 1999 Betreuung von Übungen zur Vorlesung „Theoretische Informatik II“ bei Prof. Köbler, HU Berlin
- WS 2000 Betreuung von Übungen zur Vorlesung „Theoretische Informatik II“ bei Prof. Köbler, HU Berlin
- SS 2001 Seminar „Bioinformatik“, HU Berlin
- WS 2001 Übungsleitung zur Vorlesung „Graphen und Algorithmen (Teil 1)“, HU Berlin
- SS 2002 Übungsleitung zur Vorlesung „Graphen und Algorithmen (Teil 2)“, HU Berlin
- WS 2002 Vorlesung „Algorithmen in der Bioinformatik“, HU Berlin
- SS 2003 Softwarepraktikum „Genome Assembly“, FU Berlin
- WS 2003 Vorlesung und Übungsleitung „Algorithmen und Datenstrukturen (für Bioinformatik)“, FU Berlin
- SS 2004 Übungsleitung „Advanced Sequence Analysis“, FU Berlin
- WS 2004 Vorlesung und Übungsleitung „Algorithmen und Datenstrukturen (für Bioinformatik)“, FU Berlin
- SS 2005 Softwarepraktikum „OpenMS“, FU Berlin
- WS 2005 Vorlesung und Übung „Weiterführende Themen der Bioinformatik“ und Seminar „Journal Club“, MLU Halle
- SS 2006 Vorlesung und Übung „Sequence Analysis II“, FU Berlin
- WS 2007 Vorlesung und Übung „Vertiefung statistischer Methoden in Genetik und Bioinformatik: Proteomics“, FU Berlin
- SS 2007 Vorlesung und Übung „Sequence and Structure Analysis“, FU Berlin
- WS 2007 Übungen zu „Algorithmen und Datenstrukturen in der Bioinformatik“, FU Berlin
- WS 2008 3 Vorlesungen über „Algorithmen in der Massenspektrometrie-basierten Proteomforschung“ im Rahmen der VL „Algorithmische Bioinformatik“, FU Berlin
- SS 2009 Vorlesung und Übungsleitung „Datenstrukturen und effiziente Algorithmen“, Seminar „Bioinformatik“, Seminar „Das BUCH der Beweise“, EMAU Greifswald
- WS 2010 Vorlesung und Übungsleitung „Genomanalyse“ und Softwarepraktikum „Praxis des Programmierens“, EMAU Greifswald

Publikationen

PDF-Dateien sind verfügbar unter www.alice-dsl.net/clemens.groepl/publications.

- [1] Andreas Bertsch, Clemens Gröpl, Knut Reinert, and Oliver Kohlbacher. OpenMS and TOPP: Open source software for LC-MS data analysis. In Michael Hamacher, Martin Eisenacher, and Christian Stephan, editors, *Data Mining in Proteomics*, volume 696 of *Methods in Molecular Biology*, pages 353–367. Humana Press, 2011. ISBN 978-1-60761-987-1.
- [2] Chris Bielow, Clemens Gröpl, Oliver Kohlbacher, and Knut Reinert. Bioinformatics for qualitative and quantitative proteomics. In Bernd Mayer, editor, *Bioinformatics for Omics Data*, volume 719 of *Methods in Molecular Biology*, pages 331–349. Humana Press, 2011. ISBN 978-1-61779-027-0.
- [3] Manuel Bodirsky, Clemens Gröpl, and Mihyun Kang. Generating unlabeled connected cubic planar graphs uniformly at random. *Random Structures and Algorithms*, 32(2):157–180, 2008. doi:10.1002/rsa.20206.
- [4] Clemens Gröpl. Untersuchungen zum Steinerbaumproblem in Graphen, zur Enumeration zufälliger planarer Graphen, und zu Algorithmen in der massenspektrometrie-basierten Proteomik (Habilitationsschrift), 2008.
- [5] Eva Lange, Ralf Tautenhahn, Steffen Neumann, and Clemens Gröpl. Critical assessment of alignment procedures for LC-MS proteomics and metabolomic measurements. *BMC Bioinformatics*, 9(375), 2008. doi:10.1186/1471-2105-9-375.
- [6] Ole Schulz-Trieglaff, Rene Hussong, Clemens Gröpl, Andreas Leinenbach, Andreas Hildebrandt, Christian Huber, and Knut Reinert. Computational quantification of peptides from LC-MS data. *Journal of Computational Biology*, 15(7):685–704, 2008. doi:10.1089/cmb.2007.0117.
- [7] Ole Schulz-Trieglaff, Nico Pfeifer, Clemens Gröpl, Oliver Kohlbacher, and Knut Reinert. LC-MSsim - a simulation software for liquid chromatography mass spectrometry data. *BMC Bioinformatics*, 9(423), 2008. doi:10.1186/1471-2105-9-423.
- [8] Marc Sturm, Andreas Bertsch, Clemens Gröpl, Andreas Hildebrandt, Rene Hussong, Eva Lange, Nico Pfeifer, Ole Schulz-Trieglaff, Alexandra Zerck, Knut Reinert, and Oliver Kohlbacher. OpenMS - an open-source software framework for mass spectrometry. *BMC Bioinformatics*, 9(163), 2008. doi:10.1186/1471-2105-9-163.
- [9] Manuel Bodirsky, Clemens Gröpl, Daniel Johannsen, and Mihyun Kang. A direct decomposition of 3-connected planar graphs. *Séminaire Lotharingien de Combinatoire*, B54Ak:15 pages, 2007.
- [10] Manuel Bodirsky, Clemens Gröpl, and Mihyun Kang. Generating labeled planar graphs uniformly at random. *Theoretical Computer Science*, 379(3):377–386, 2007.
- [11] Eva Lange, Clemens Gröpl, Ole Schulz-Trieglaff, Andreas Leinenbach, Christian Huber, and Knut Reinert. A geometric approach for the alignment of liquid chromatography-mass spectrometry data. In *Proceedings of the 15th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) & 6th European Conference on Computational Biology (ECCB)*. 2007.

- [12] Ole Schulz-Trieglaff, Rene Hussong, Clemens Gröpl, Andreas Hildebrandt, and Knut Reinert. A fast and accurate algorithm for the quantification of peptides from mass spectrometry data. In *Proceedings of the Eleventh Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology (RECOMB 2007)*, pages 473–487. 2007.
- [13] Oliver Kohlbacher, Knut Reinert, Clemens Gröpl, Eva Lange, Nico Pfeiffer, Ole Schulz-Trieglaff, and Marc Sturm. TOPP - The OpenMS Proteomics Pipeline. In *Proceedings of the 5th European Conference on Computational Biology (ECCB 2006)*. 2006.
- [14] Eva Lange, Clemens Gröpl, Knut Reinert, Oliver Kohlbacher, and Andreas Hildebrandt. High accuracy peak-picking of proteomics data using wavelet techniques. In *Proceedings of the 11th Pacific Symposium on Biocomputing (PSB06)*, pages 243–254. 2006.
- [15] Bettina Mayr, Oliver Kohlbacher, Knut Reinert, Marc Sturm, Clemens Gröpl, Eva Lange, Christoph Klein, and Christian Huber. Absolute myoglobin quantitation in serum by combining two-dimensional liquid chromatography-electrospray ionization mass spectrometry and novel data analysis algorithms. *Journal of Proteome Research*, 5:414–421, 2006.
- [16] Manuel Bodirsky, Clemens Gröpl, Daniel Johannsen, and Mihyun Kang. A direct decomposition of 3-connected planar graphs. In *Proceedings of the 17th Annual International Conference on Formal Power Series and Algebraic Combinatorics (FPSAC05)*. Taormina, 2005.
- [17] Manuel Bodirsky, Clemens Gröpl, and Mihyun Kang. Sampling unlabeled biconnected planar graphs. In *Proceedings of the 16th Annual International Symposium on Algorithms and Computation (ISAAC05)*. 2005.
- [18] Clemens Gröpl, Eva Lange, Knut Reinert, Oliver Kohlbacher, Marc Sturm, Christian G. Huber, Bettina M. Mayr, and Christoph L. Klein. Algorithms for the automated absolute quantification of diagnostic markers in complex proteomics samples. In *Proceedings of the 1st International Symposium on Computational Life Science (CompLife05)*, pages 151–163. 2005.
- [19] Clemens Gröpl, Hans Jürgen Prömel, and Anand Srivastav. Ordered binary decision diagrams and the Shannon effect. *Discrete Applied Mathematics*, 142:67–85, 2004.
- [20] Manuel Bodirsky, Clemens Gröpl, and Mihyun Kang. Decomposing, counting, and generating unlabeled cubic planar graphs. In *European Conference on Combinatorics, Graph Theory, and Applications EUROCOMB'03 Prague*. 2003.
- [21] Manuel Bodirsky, Clemens Gröpl, and Mihyun Kang. Generating labeled planar graphs uniformly at random. In *Proceedings of ICALP 2003*, number 2719 in Lecture Notes in Computer Science, pages 1095–1107. Springer Verlag, 2003. Appeared 2008 in *Theoretical Computer Science*.
- [22] Cornelius Frömmel, Christoph Gille, Andrean Goede, Clemens Gröpl, Stefan Hougardy, Till Nierhoff, Robert Preissner, and Martin Thimm. Accelerating screening of 3D protein data with a graph theoretical approach. *Bioinformatics*, 19(18):2442–2447, December 2003.

- [23] Clemens Gröpl, Stefan Hougardy, Till Nierhoff, and Hans Jürgen Prömel. Steiner trees in uniformly quasi-bipartite graphs. *Information Processing Letters*, 83:195–200, 2002.
- [24] Clemens Gröpl, Stefan Hougardy, Till Nierhoff, and Hans Jürgen Prömel. Approximation algorithms for the Steiner tree problem in graphs. In Xiuzhen Cheng and Ding-Zhu Du, editors, *Steiner Trees in Industry*, pages 235–279. Kluwer Academic Publishers, 2001. Survey article with new proofs.
- [25] Clemens Gröpl, Stefan Hougardy, Till Nierhoff, and Hans Jürgen Prömel. Lower bounds for approximation algorithms for the Steiner tree problem. In *Proceedings of the 27th International Workshop on Graph-Theoretic Concepts in Computer Science (2001)*, LNCS. Springer Verlag, 2001.
- [26] Clemens Gröpl, Hans Jürgen Prömel, and Anand Srivastav. On the evolution of the worst-case OBDD size. *Information Processing Letters*, 77:1–7, 2001.
- [27] Gregor Baudis, Clemens Gröpl, Stefan Hougardy, Till Nierhoff, and Hans Jürgen Prömel. Approximating minimum spanning sets in hypergraphs and polymatroids. Technical report, Humboldt-University Berlin, 2000. This paper was already accepted for ICALP 2000 but we did not present it since later we were informed that the main result had already been proven in a different way.
- [28] Clemens Gröpl. *Binary Decision Diagrams for Random Boolean Functions*. Ph.D. thesis, Humboldt-Universität zu Berlin, 1999.
- [29] Clemens Gröpl, Hans Jürgen Prömel, and Anand Srivastav. Size and structure of random ordered binary decision diagrams (extended abstract). In Daniel Korb, Christoph Meinel, and Michel Morvan, editors, *STACS 98*, number 1373 in Lecture Notes in Computer Science, pages 238–248. Springer Verlag, Berlin, Heidelberg, New York, 1998.
- [30] Clemens Gröpl and Martin Skutella. Parallel repetition of MIP(2,1) systems. In Ernst W. Mayr, Hans Jürgen Prömel, and Angelika Steger, editors, *Lectures on Proof Verification and Approximation Algorithms*, volume 1367 of *Lecture Notes in Computer Science*, chapter 6, pages 161–177. Springer, 1998. The book grew out of a Dagstuhl Seminar, April 21–25, 1997.
- [31] Mathias Block, Clemens Gröpl, Harry Preuss, Hans Jürgen Prömel, and Anand Srivastav. Efficient ordering of state variables and transition relation partitions in symbolic model checking. Technical report, Humboldt-Universität zu Berlin, 1997.
- [32] Clemens Gröpl. *Über Approximationsalgorithmen zur Färbung k -färbbarer Graphen, die vektorchromatische Zahl und andere Varianten der ϑ -Funktion*. Diplomarbeit, Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Forschungsinstitut für Diskrete Mathematik, January 1996.