

Lebenslauf

Dr. Sebastian Kloska *25.12.1962

Hohenstaufenstr. 58

D-10781 Berlin
Germany
tel: +49-176-24621622
e-mail: sebastian.kloska@snaflu.de



Zusammenfassung

Doktor der Biologie mit Schwerpunkt in pflanzlicher molekularer Genetik. Arbeitsgruppenleiter von zwei Bioinformatikabteilungen in Forschung und Industrie. Langjährige Erfahrungen in kleinen bis mittelgroßen Arbeitsgruppen. Exzellente Programmierkenntnisse insbesondere im Unix/Linux Umfeld.

- >27 Jahre C/C++
Zeitkritische Anwendungen, C++11, multi-threading, IPC, Qt, ODBC, CORBA, boost. Erstellung von Template basierten Bibliotheken. Arbeit mit „Visual Studio“ auf Windows und QtCreator mit Linux.
- >17 Jahre Java
Swing, JDBC, DOM Parsing, SAX Parsing. Aktive Mitarbeit am Open Source Projekt „HSQLDB“.
- >18 Jahre Perl
Groß angelegte objektorientierte „strict coding“ Projekte. Vielfältiger Einsatz von CPAN Modulen. Erstellung eigener C-basierter Perl Module. DBI, FastCGI. Viele komplexe Filter mit regulären Ausdrücken.
- >9 Jahre JavaScript
inklusive Script.aculo.us, Prototypes und jQuery.
- >16 Jahre Datenbank Programmierung
MySQL, PostgreSQL, MSSQL, ADABAS, HSQLDB, Sybase
- >6 Jahre PDF und Postscript insbesondere Arbeiten mit der Adobe™ PDF Library zur dynamischen Erzeugung von Dokumenten.

Vater eines Sohns (*26.02.99) und einer Tochter (*27.02.02)

Positionen

Okt.:2006 - Jetzt

„Freelance“ Entwickler in unterschiedlichen Bereichen. Meistens Mitglied kleiner bis mittelgroßer Gruppen, die Bugs und Projektfortschritt in Systemen wie JIRA oder Mantis verwalten und die gemeinsame Code-Basis in Versionsverwaltungen wie Subversion oder GIT managen. Ich habe auch bereits an der Umstellung vom klassischen „Wasserfall“ zum Scrum-System teilgenommen.

*** Senior C++ Entwickler bei here.com**

Plattform spezifische Integration von HEREs (www.here.com) proprietärer Mapping & Geocoding Technologie auf „Mobile“ und „Wearable“ Devices. Insbesondere SAMSUNGs TIZEN OS. Bei diesem Auftrag stehen sowohl Effizienz und Robustheit als auch Ressourcenschonung im Mittelpunkt, da auf den kleinen tragbare Geräte trotz geringer Größe und Leistung ein flüssige Nutzererfahrung gewährleistet werden musste.

*** JAVA EE Backend Entwicklung für “strandsandale.de” **Sep.:2014-Mai:2015****

Entwicklung eines web-basierten Produktmanagement-Systems basierend auf J2EE Technologie. JAVA Hibernate wurde genutzt um den Datenbestand (Warenlager) in dem zugrunde liegenden RDBMS zu modellieren. JPA Queries kamen zum Einsatz um den Zugriff auf den Datenbestand zu implementieren und JPA Techniken wurden genutzt um die Benutzerschnittstelle mittels Apache/Tomcat auszuliefern.

*** PHP Based Frontend development for “lineup.shoes” **Juli:2014-Sep:2014****

Implementation eines online Auktions-Systems. Werbeflächen lassen sich online buchen. Klassische “LAMP” Entwicklung mit MySQL als RDBMS und PHP als CGI-Engine.

Die PayPal API wurde integriert um online Gebote und Rückerstattungen zu implementieren. jQuery und andere Javascript Komponenten wurden eingesetzt um dynamisches HTML zu implementieren und Updates des Backends mittels AJAX zu ermöglichen.

*** Digital Printing für “SOFHA GmbH” und “Atlantic Zeiser” **Dez.:2006-Juli:2014****

Entwicklung mit Schwerpunkt Digitaldruck und digitales Dokumentenmanagement. Linux basierte C++-Entwicklung die den vollen Bereich von hardware-nahen Ansteuerung von Druckköpfen bis zur Verwaltung von Druckjobs in einem RDBMS-Backend abdecken.

Dynamische Erzeugung von PDF-Dokumenten mit der Adobe PDF Library. XML-Datenquellen werden als Grundlage für das Seitenlayout genutzt um „on the fly“ mit externen Daten aus SQL Datenquellen verknüpft und während des Drucks in PDF Dokumente überführt zu werden. Extrem zeitkritischer Code, da die angebundene Hardware keine größeren Latenzen duldet. Multi-threading und verschiedene IPC-Techniken wurden genutzt um möglichst alle Ressourcen optimal auszulasten. Implementation von DOM- und SAX Parser zur Dokumentenerfassung. Anbindung an Verschiedene SQL Datenbanken (PostgreSQL, MySQL, MSSQL, Sybase) mittels ODBC. Beteiligung an der Entwicklung eines Vektorgraphik-Programms zur Erstellung von Druckjobs. Das Interface wird mit dem QT-Framework programmiert. Unter Linux kommt dabei QtCreator und unter Windows Visual Studio als IDE zum Einsatz.

Entwicklung von JAVA basierten Programmen für die Verwaltung von „Print-Farms“. Anbindung an die zugrunde liegende PostgreSQL Datenbank erfolgte über JDBC und JPA.

Entwicklung eines proprietären Paketmanagers und Build-Systems auf der Grundlage des Debian „dpkg“. Neben der Erweiterung des „dpkg“ mit C++ wurde dabei ein Toolset von PERL-Skripten erstellt, die den Build- und Deployment Prozess automatisieren.

Juli::2001 - Okt::2006

Leiter der Bioinformatik in der Scienion A.G

Als Arbeitsgruppenleiter der Bioinformatik habe ich aktiv an der Gründung der Firma teilgenommen. Meine Hauptaufgabe war die Implementation eines Datenbank- und Analysesystems für „Expression-Profiling“ (Messung von Genaktivitäten im hohen Durchsatz). Daneben habe ich ein System für die genomweite automatische Identifikation von hochspezifischen PCR-Primern erstellt.

Beteiligung an der Entwicklung eines JAVA/Tomcat basierten LIMS Systems zum Tracking von Proben und Messwerten. Als Programmiersprachen wurde JAVA für Benutzerschnittstellen, C++ für zeitkritische Anwendungen und PERL für die effiziente Aufbereitung von „unsauberen“ Datensätzen aus den Beständen der Kunden genutzt.

Da die von uns eingesetzte JAVA basierte Datenbank HSQLDB zur damaligen Zeit keine "ON (DELETE | UPDATE) (CASCADE | SET NULL | SET DEFAULT)" Statement unterstützte habe ich aktiv an der Weiterentwicklung dieses Opensource-Projekts teilgenommen.

Juni::1998 - Juni::2001

Arbeitsgruppenleiter der Bioinformatik am Max-Planck Institut für Molekulare Pflanzenphysiologie in Potsdam.

Etablierung der Bioinformatik im neu gegründeten Institut unter Prof. Lothar Willmitzer. Vollständige Neuimplementierung einer Datenbank mit Webinterface zur Abfrage und Analyse von Microarray-Experimenten. Dazu gehörte das Tracking von eingehenden Proben, die Zuordnung zu einzelnen Genen, Behandlungsarten (dosage response etc...) und Messergebnissen.

Ein großer Teil der Serverlogik wurde damals in PERL/FastCGI implementiert. Teile der Benutzerschnittstellen wie die graphische Repräsentation von Genkarten erfolgte in JAVA. Das nötige „Number crunching“ erfolgte wiederum in C++ unter Ausnutzung möglichst aller zur Verfügung stehenden CPUs/Cores.

Entwicklung einer neuen statistischen Methodik zu Korrelationsanalyse mittels „Mutual Information“. Auch diese rechenintensive Anwendung wurde in C++ Implementiert wobei CORBA zur Verteilung auf mehrere Rechner genutzt wurde. Die Benutzerschnittstelle wurde in Qt entwickelt.

Jan::1998 - Mai::1998

„Post-Doc“ Position am the Max-Planck Institut für Molecular Genetik Berlin Dahlem. Arbeit als wissenschaftlicher Mitarbeiter in der Arbeitsgruppe von Dr. Hans Lehrach an einem System zur Erstellung von Hochdurchsatz DNA-Hybridisationen.

Kurze Position zur Etablierung einer neuen Methode zur quantitativen PCR.

Jul::1997 - Dez::1997

„Freelance“ Software Entwickler SofHa GmbH in Berlin.

Programmierung der Firmware eines Mikrocontrollers mittels Z80-Assembler.
Implementierung des ECP-Mode (bidirektionaler Parallelport).

Ausbildung

Okt.:1993 - Jan.:1997

Doktorrand in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Axel Brennicke am IGF Berlin.

Titel der Arbeit: "Untersuchung zur Regulation eines nuklear kodierten mitochondrialen Gens und zweier neuer PR-1 Gene in *Arabidopsis thaliana*".

Neben der Arbeit als Biologe im Labor habe ich damals bereits Algorithmen zur Genanalyse (Identifikation von Gruppe II Introns) geschrieben.

Juli:1992 – Sept.:1993

Diplomand am Institut für Genbiologische Forschung (IGF) in Berlin betreut von Dr. Wolfgang Schuster in der Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Axel Brennicke.

Titel der Diplomarbeit: "Charakterisierung eines neuen Gens für den Adenin-Nukleotid Translokator von *Arabidopsis thaliana*".

Sommer:1986

Wechsel an den Fachbereich Biologie der Freien Universität Berlin.

Winter:1985

Immatrikulation am Fachbereich Biologie der "Justus Liebig" Universität Gießen.

Mai:1983

Abitur am „Hermann Billung“ Gymnasium in Celle. Danach Zivildienst in einem Altersheim in der Nähe von Stuttgart.

25. Dec. 1962

Geboren in Quakenbrück. Aufgewachsen in Celle.

Veröffentlichungen

Forschungs „Paper“

1. Daub CO, Steuer R, Selbig J, Kloska S.: **“Estimating mutual information using B-spline functions--an improved similarity measure for analysing gene expression data”**. BMC Bioinformatics. 2004 Aug 31 5 118
2. Colebatch G, Desbrosses G, Ott T, Krusell L, Montanari O, Kloska S, Kopka J, Udvardi MK.: **“Global changes in transcription orchestrate metabolic differentiation during symbiotic nitrogen fixation in *Lotus japonicus*”**. Plant J. 2004 Aug 39(4) 487-512
3. Daub CO, Kloska S, Selbig J.: **“MetaGeneAlyse: analysis of integrated transcriptional and metabolite data”**. Bioinformatics 2003 Nov 22 19(17) 2332-3
4. Stephan Brandt, Sebastian Kloska, Thomas Altmann and Julia Kehr: **“Using array hybridization to monitor gene expression at the single cell level”**. Journal of Experimental Botany Dec. 1 2002 53(379) 2315-2323
5. Colebatch G, Kloska S, Trevaskis B, Freund S, Altmann T, Udvardi MK.: **“Novel aspects of symbiotic nitrogen fixation uncovered by transcript profiling with cDNA arrays”**. Mol Plant Microbe Interact 2002 May 15(5) 411-20
6. Thimm O, Essigmann B, Kloska S, Altmann T, Buckhout TJ.: **“Response of *Arabidopsis* to iron deficiency stress as revealed by microarray analysis”**. Plant Physiol 2001 Nov 127(3) 1030-43
7. Fiehn O, Kloska S, Altmann T.: **“Integrated studies on plant biology using multiparallel techniques”**. Curr Opin Biotechnol 2001 Feb 12(1) 82-6
8. Mozo T, Dewar K, Dunn P, Ecker JR, Fischer S, Kloska S, Lehrach H, Marra M, Martienssen R, Meier-Ewert S, Altmann T.: **“A complete BAC-based physical map of the *Arabidopsis thaliana* genome”**. Nat Genet 1999 Jul 22(3) 271-5
9. Sánchez H, Fester T, Kloska S, Schröder W, Schuster W.: **“Transfer of rps19 to the nucleus involves the gain of an RNP-binding motif which may functionally replace RPS13 in *Arabidopsis* mitochondria”**. EMBO J 1996 May 1 15(9) 2138-49.
10. Knoop V, Kloska S, Brennicke A.: **“On the identification of group II introns in nucleotide sequence data”**. J Mol Biol 1994 Sep 30 242(4) 389-96
11. Schuster W, Kloska S, Brennicke A.: **“An adenine nucleotide translocator gene from *Arabidopsis thaliana*”**. Biochim Biophys Acta 1993 Feb 20 1172(1-2) 205-8

In Büchern

1. Márquez, A.J. Stougaard, J. Udvardi, M. Parniske, M. Spaink, H. Saalbach, G. Webb, J. Chiurazzi, M. Márquez, A.J.: **“Lotus japonicus expression database”**. *Lotus japonicus Handbook* 149-154 Springer-Verlag GmbH, Heidelberg 2005
2. Michael Udvardi, Thomas Ott, Lene Krusell, Guilhem Desbrosses, Vera Voroshilova, G Colebatch, Maren Wandrey, Ombretta Montanari, Klementina Kakar, Katja Krause, Catrin Günther, Joost van Dongen, Helene Vigeolas, Peter Geigenberger, Ute Kraemer, S. Kloska, J Kopka, Shusei Sato, Yasukazu Nakamura, Satoshi Tabata, Euan K. James, Masayoshi Kawaguchi, Ai Miyamoto, Norio Suganuma, Niels Sandal Jens Stougaard: **“Physiological Responses in Plant-Microbe Interactions Insights into Nodule Physiology and Metabolism from Transcriptomics, Metabolomics, Bioinformatics, and Genetics”**. *Biology of Plant-Microbe Interactions* 5 APS Press 2006

Wissenschaftliche Projekte

1. Martin Steup, Thomas Altmann, Sebastian Kloska, Peter Geigenberger, Gerhard Ritte, Bernd Müller-Röber **Molekulare Physiologie: “Energetik und Regulation primärer pflanzlicher Stoffwechselprozesse”**. Deutsche Forschungsgemeinschaft Sonderforschungsbereich 429, 1999 - 2004
2. Richard Trethewey, Bernd Essigmann, Lothar Willmitzer, Sebastian Kloska, Thomas Altmann, Thomas Linke, Peter-Uwe Zettler, Andre Flöter: **“Entwicklung eines Systems zur Wissensentdeckung in großen biologischen Datenbeständen”**. Universität Potsdam: Informatik 2000