

Dr. Wolfram Daubitz

Senior Computational Scientist

wolfram.daubitz@example.de

wolfram-daubitz.dev

+49 40 4711 92 18

linkedin.com/in/wolfram-daubitz

Hamburg, Deutschland

github.com/wdaubitz

Profil

Bioinformatiker (Dr. rer. nat., RWTH Aachen) mit 7 Jahren Erfahrung am Fraunhofer-Institut IZI und bei Evotec SE. Schwerpunkte: skalierbare RNA-Seq- und Multi-Omics-Pipelines (Nextflow/nf-core), Single-Cell-Analytik (Seurat, Scanpy) und ML-basierte Wirkstoffvorhersage. 6 peer-reviewte Publikationen, 3 als Erstautor, 4 nf-core-Module mit aufkommulierten 18 k Downloads.

Berufserfahrung

Senior Computational Scientist

Evotec SE, Hamburg, Deutschland, 10/2023 - heute

Senior Scientist in der Computational Biology Plattform, 6-köpfiges Cross-funktionales Team

- Aufbau einer ML-basierten Target-Discovery-Plattform in PyTorch, AUROC 0,88 über 5 Validation-Datensätze
- Skalierung von 3 nf-core-Pipelines auf AWS Batch mit 1.400 Genomes pro Woche, Kosten pro Probe von 28 € auf 11 € reduziert
- Co-Erstautor in Nature Communications 2025 (IF 16,6) zu Mid-throughput-Screening-Analytik
- Mentoring von 2 PhD-Studierenden und 3 Junior Bioinformatiker:innen
- Reviewer-Tätigkeit für Bioinformatics, BMC Bioinformatics und Genome Biology

Wissenschaftlicher Mitarbeiter Bioinformatik

Fraunhofer-Institut für Zelltherapie und Immunologie (IZI)

Leipzig, Deutschland

11/2022 - 09/2023

Postdoc in der Abteilung Immunbioinformatik

- Entwicklung einer Single-Cell-Pipeline für 240 PBMC-Proben (Total 4,8 Mio. Zellen) in Scanpy und CellRanger
- Aufbau eines Snakemake-Workflows zur HLA-Typisierung aus WGS-Daten, Genauigkeit 99,2 % an Goldstandard-Datensätzen
- Erstautor eines Methodenpapiers in Briefings in Bioinformatics 2023 (IF 9,5)
- Co-Maintainer von 3 nf-core-Modulen (rnaseq, scrnaseq, hlatyping)

Ausbildung

Dr. rer. nat. Bioinformatik

RWTH Aachen, Aachen, Deutschland, 10/2018 - 09/2022

Bioinformatik, summa cum laude

Fähigkeiten

Python (pandas, numpy, scikit-learn)

R / Bioconductor

Nextflow / nf-core

Snakemake

Single-Cell RNA-Seq (Seurat, Scanpy)

Deep Learning (PyTorch, TensorFlow)

Docker / Singularity / Kubernetes

AWS / GCP HPC

Zertifikate

AWS Certified Machine Learning – Specialty

, 02/2025

nf-core Core Maintainer Certification

, 08/2024

Deep Learning Specialization (deeplearning.ai)

, 04/2024

M.Sc. Bioinformatik

Universität Münster, Münster, Deutschland, 10/2016 - 09/2018

Bioinformatik, GPA: 1,1

Bioinformatik-Curriculum
(EMBL-EBI / Wellcome
Genome Campus)

, 11/2022

Projekte

nf-core/scrnaseq Co-Maintainer

, 01/2024 - heute

Aktiver Maintainer der Pipeline, 14 merged Pull Requests in den letzten 12 Monaten, 6.200 GitHub-Stars im Repo

Sprachen

Deutsch, Muttersprache

Englisch, C2

Publikationen

Co-Erstautor: 'Mid-throughput phenotypic screening with deep multi-omics integration' – Nature Communications 16: 1842

02/2025,

Erstautor: 'Reproducible HLA typing from short-read WGS at scale' – Briefings in Bioinformatics 24(3): bbad078

05/2023,

Stärken

Open-Source-Pflege

Pflege 4 nf-core-Module und beantworte durchschnittlich 28 GitHub-Issues pro Monat innerhalb von 48 Stunden

Reproduzierbarkeit

Liefere jeden Analysebericht als RMarkdown/Quarto plus Container, lückenlos versioniert in Git und DataLad

Wet-Lab-Brücke

Diskutiere Experimentdesign mit Wet-Lab-Kolleg:innen vor der Probennahme statt erst bei der Analyse