

MAXIMILIAN AICHBERG-LEHNERT

GENOMIK-NGS-LABORANT (SEQUENCING-CORE)

CONTACT

✉ maximilian.aichberg@exampl
e.de
☎ +49 30 18754 2206
🏠 Berlin, Deutschland
🌐
👤 linkedin.com/in/maximilian-a
ichberg
📁 github.com/maichberg-ngs

AUSBILDUNG

Zertifikat Bioinformatik- Grundkurs

01/2021 - 06/2021
de.NBI / Galaxy Training
Network
Online, Deutschland
Bioinformatik (Galaxy / R)
Bioinformatik-Grundkurs

Berufsausbildung 3,5 Jahre

09/2014 - 06/2018
Charite Lehrwerkstatt + OSZ
Lise Meitner Berlin
Berlin, Deutschland
Biologielaborant:in (IHK)
GPA: 1,7

PROFIL

Genomik-NGS-Laborant (IHK Biologielaborant + Bioinformatik-Grundkurs Galaxy/R) mit 6 Jahren Sequencing-Erfahrung am Robert Koch-Institut (RKI) Berlin und am Max-Planck-Institut fuer molekulare Genetik. Schwerpunkte: Illumina NovaSeq/MiSeq Library-Prep, Oxford Nanopore PromethION Long-Read und Hamilton-STAR-Automatisierung. 480 NGS-Libraries mit Q30 > 92 % und 0 Sample-Mix-ups, ISO 15189 Laborkenntnisse. S2 GenTSV zertifiziert.

BERUFSERFAHRUNG

Genomik-NGS-Laborant (Sequencing-Core) 07/2021 - heute Robert Koch-Institut (RKI) Berlin, Deutschland

Technischer Angestellter in der Genomsequenzierung (Pathogen-Surveillance, ISO 15189)

- Illumina NovaSeq 6000 und MiSeq Library-Prep fuer 480 Pathogen-Proben/Jahr, Q30 > 92 %, 0 Sample-Mix-ups in 24 Monaten
- Oxford Nanopore PromethION Long-Read-Sequenzierung fuer 120 bakterielle Genome, N50 > 24 kb
- Automatisierung des Library-Preps auf Hamilton Microlab STAR, Hands-on-Zeit von 6 h auf 1,5 h reduziert
- DNA/RNA-Extraktion (QIAGEN / Maxwell RSC) fuer 1.800 klinische Proben/Jahr, A260/280 1,8-2,0 in 97 %
- Demultiplexing und Run-QC (FastQC/MultiQC), ISO-15189-konforme LIMS-Dokumentation, 0 Findings in 2 Akkreditierungs-Begehungen

Biologielaborant (Sequencing-Plattform) 08/2018 - 06/2021

Max-Planck-Institut für molekulare Genetik Berlin, Deutschland
Sequencing-Core-Facility (Genomik und Transkriptomik)

- RNA-Seq und Single-Cell-Library-Prep (10x Genomics) fuer 240 Proben, RIN > 8 in 94 % der Faelle
- Qualitätskontrolle mit Agilent Bioanalyzer und Qubit fuer 1.200 Proben/Jahr vor Pooling
- cBot-Cluster-Generierung und HiSeq-Beladung, Cluster-Density im Zielbereich in 96 % der Laeufer
- Pflege der Geraete-Logbuecher und PM-Plaene fuer 4 Sequenzierer, Verfuegbarkeit > 95 %

FÄHIGKEITEN

- NGS Library-Prep (Illumina NovaSeq/MiSeq)
- Oxford Nanopore (PromethION / MinION)
- DNA/RNA-Extraktion (QIAGEN / Maxwell)
- Qubit / TapeStation / Bioanalyzer
- Liquid Handling (Hamilton STAR)
- Demultiplexing / FastQC / MultiQC
- Galaxy / R (Grundlagen)
- LIMS / ISO 15189 Doku

ZERTIFIKATE

Oxford Nanopore
PromethION
Anwenderschulung
(ONT)
11/2022

Bioinformatik-Grundkurs
Galaxy/R (de.NBI)
06/2021

Gentechnik-Sicherheit
S2 nach GenTSV (RKI)
03/2020

IHK Berlin
Abschlusspruefung
Biologielaborant:in (Note
1,7)
06/2018

SPRACHEN

Deutsch	Muttersprache
Englisch	C1
Spanisch	A2

PROJEKTE

Hamilton-STAR-Automatisierung Library-Prep 02/2023 - 09/2023

Aufbau eines automatisierten Illumina-DNA-Prep-Workflows auf Hamilton Microlab STAR fuer 96er-Platten, Hands-on-Zeit von 6 h auf 1,5 h reduziert, Inter-Library-CV der Insert-Size unter 8 %

STÄRKEN

Sample-Tracking- Disziplin

480 NGS-Libraries/Jahr mit 0
Sample-Mix-ups ueber 24
Monate durch Barcode-
Doppelkontrolle und LIMS-
Verkettung

Qualitaets-Akribie

Q30 > 92 % konsistent ueber alle
NovaSeq-Laeufe, Library-QC mit
TapeStation und Qubit vor jedem
Pooling

Automatisierungs- Affnitaet

Reduzierte Library-Prep-Hands-
on-Zeit um 75 % durch Hamilton-
STAR-Programmierung, 0
Pipettier-Fehler