

# Lebenslauf

**Waldemar Reusch**, Marienbader Str. 6/1, 70372 Stuttgart  
+49 178 133 90 24, [waldemar.reusch@gmail.com](mailto:waldemar.reusch@gmail.com)

---

## Fähigkeiten

### Kernkompetenzen

**Anwendungs- und Webentwicklung**, fokussiert auf Biowissenschaften, mit Bedacht auf klare, nachhaltige Architektur, moderne Technologien und Benutzbarkeit, über alle Aspekte des Lebenszyklus zwischen Konzeption und Auslieferung, und über alle Ebenen zwischen Datenbank und Benutzeroberfläche.

---

### Software, Programmiersprachen und Technologien

**Docker, Linux, git, pandas, jupyter notebooks** VSCode, Eclipse, Oracle DB, VSCode, PyCharm, Glassfish, Maven, HTCondor, SVN, Firebird DB, Vim, Jenkins, Gitlab, Adobe Creative Suite, Firebug, Jira, Confluence, tensorflow, celery, AWS

**Python, Java, JavaScript, HTML5, CSS3, Bash, SQL, PHP**

**devops, Domain Driven Design, Object Oriented Design**, JEE, REST, (R)DBMS, functional programming, reactive programming, CI/CD, Scrum, Grid Engines, datascience

---

### Sprachen

**Deutsch** Muttersprache

**Englisch** Verhandlungssicher

**Russisch, Schwedisch** Grundkenntnisse

# Arbeitserfahrung

## Software Entwickler

seit März 2015

**Insilico Biotechnology AG**  
Stuttgart, Deutschland

**Entwicklung einer machine learning pipeline zum Erstellen von maß-gefertigten hybriden Vorhersagemodellen** für die Bewertung der Leistung von Bioprozessen und verschiedene Optimierungsszenarios.

**Einbringen der eigenen Softwareentwicklungsexpertise** in den verschiedenen Stadien und Ebenen der Software Produkte. Vom Erfassen der Anforderungen über Entwurf und Implementierung hin zur Auslieferung, sowie von der Datenbank hin zur Benutzeroberfläche.

**Verwaltung und Wartung der IT Infrastruktur**, unter anderem verschiedene Laptop-, Desktop- und Serversysteme, CentOS und SUSE Linux Systeme, Oracle 11g Datenbanken, die CI Umgebung, ein HTCondor Rechencluster und Container-Anwendungen.

---

## Industriepraktikum

Mai 2013 - Jul 2013

**Insilico Biotechnology AG**  
Stuttgart, Germany

Modellierung eines metabolischen Modelles eines Antibiotika produzierenden Bakteriums. Beinhaltete ausgiebige Literatur- und Datenbankrecherche, sowie die modellierung in Firmeninterner Software.

---

## Hilfswissenschaftler

Nov 2012 - Apr2013

**Institut für technische Biochemie**  
Universität Stuttgart, Deutschland

Entwicklung einer Benutzeroberfläche für die neu konzipierte Protein-Sequenz-Struktur-Funktions Datenbank BioCatNet.

---

## Hilfswissenschaftler

Jan 2011 - Jun 2011

**Department of Physics, Chemistry and Biology**  
Linköping University, Sweden

Genexpressionsanalyse des *late flowering gene* in der gemeinen Erbse *Pisum sativum*. Die Untersuchungen wurden mit hilfe PCR/rtPCR, DNA/RNA-extraction kits und Gelelektrophorese durchgeführt.

# Ausbildung

## Zertifizierter Java EE Workshop

März 2017

PC College, Stuttgart  
Enterprise Java Beans 3.1, Session- und MD Beans, CDI, JPA, Lifecycle

---

## Dipl. Biologe, t.o.

Okt 2007 - Dez 2014

Universität Stuttgart, Deutschland  
Fokus: Bioinformatik, Biophysik

Jan 2011 - Jun 2011

Universität Linköping, Schweden  
Fokus: Neuroscience, Gene Expression

---

## Diplomarbeit

Development of a novel Protein Database System for Sequence-Structure-Function Relationships: BioCatNet

Okt 2013 - Dez 2014

Institut für technische Biochemie  
Universität Stuttgart, Deutschland

**Entwicklung eines *data warehouse*, welches Informationen über Proteinsequenzen, -strukturen und -funktionen aufnimmt.** Dies beinhaltete die Entwicklung einer REST API, einer Web-basierten Benutzeroberfläche mit PHP, Perl, HTML, CSS und JavaScript. Darüber hinaus wurden Web- und Datenbank server aufgesetzt und gewartet. Das Ergebnis ist für den Wissenschaftlichen Gebrauch frei zugänglich unter <http://biocatnet.de>

---

## Studienarbeit

Analyse thermokinetischer Potential-Strom-Kennlinien an einem Modell von *Escherichia coli*

Okt 2011 - Jun 2012

Institut für Systemdynamik  
Universität Stuttgart, Deutschland

**Evaluierung der Aussage- und Prädiktionsqualitäten** der neu entwickelten *thermokinetischen Modellierung*. Dies beinhaltete das arbeiten mit Mathematica, R und bash auf einem Linux rechner.