

INGENIEUR EN BIOLOGIE QUANTITATIVE



Alexandre Jeanne

Né le 5 Janvier 1995

Nationalité: Français

A propos de moi:

J'ai toujours été passionné par les sciences et en particulier la biologie. C'est pourquoi, c'était pour moi un choix évident de me tourner vers les biotechnologies. Après 7 ans à développer des compétences de laboratoire pratiques et théoriques, en particulier en biologie moléculaire, j'ai décidé de me tourner vers la bio-informatique. Je trouve fascinant le fait de pouvoir combiner biologie et nouvelles technologies. C'est en tant que data scientist et biologiste quantitative que je souhaite donc orienter ma carrière. En dehors de mon emploi d'ingénieur, j'ai développé une passion pour la course à pied. Je participe régulièrement à des semi-marathon et d'autres courses. Je passe aussi de mon temps libre à lire et aller en randonnée.



alexandrej16@gmail.com



Lausanne, Suisse



+41782144341

EXPERIENCE ET THESE DE MASTER:

Depuis le 2 février 2021:

Ingénieur en Biologie Quantitative

NANOLIVE, Tolochenaz, Suisse.

Pendant plus de 3 ans, mon travail chez Nanolive a impliqué le développement de nouveaux outils de segmentation d'objets subcellulaire, tel que les mitochondries, les nucléoles ou les noyaux, à partir d'images issues de l'holotomographie, et cela en utilisant des approches de machine-learning/deep-learning.

Ces tâches comprenaient:

- Développer ma propre application avec WxPython et PyQt5 pour générer nos labels.
- Elaborer un dataset d'entraînement et de test pertinent, optimiser notre stratégie d'entraînement, et évaluer la performance de nos modèles.
- J'ai également participé à la segmentation et à l'analyse de données dans le cadre de collaboration, comme avec l'Institut Pasteur dont un article issu de cette collaboration est sur le point d'être publié.

Programmation sur Python, Machine-learning, Deep-learning, Analyse de donnée, CellProfiler, Segmentation d'objets subcellulaire, Git, GitHub, PyQt5, WxPython, Anaconda, Développement de prototypes software

Du 2 mars au 28 août 2020:

Thèse de Master: Deep-Learning for cellular segmentation in Holo-tomographic volumes

NANOLIVE, Tolochenaz, Suisse. Sous la direction du Dr. M.Fréchin.

Durant ma thèse de master chez Nanolive, j'ai principalement développé une approche de deep-learning utilisant U-Net pour la segmentation de cellules en holotomographie.

- Mes tâches consistaient à optimiser une stratégie d'entraînement, ainsi qu'à créer un dataset d'entraînement et de test pertinent.
- Programmer des fonctions de data augmentation et de preprocessing d'images.
- Enfin, j'ai compilé ma version custom de CellProfiler et développé un plugin pour implémenter nos prédictions U-Net dans un pipeline.

Programmation sur Python, Deep-learning, Pytorch, Cell segmentation, Analyse d'images, CellProfiler, Anaconda

EXPERIENCE EN STAGE:

Du 18 novembre au 20 décembre 2019:

Stage: Automate high-throughput enzymatic screening data analysis.

PCBIS, Illkirch-Graffenstaden, France. Sous la direction de S. Gioria.

- Criblage enzymatique haut-débit incluant la préparation d'échantillons en plaque 384 puits et l'utilisation de robot de pipetage.
- Analyse de données, sélection de candidat, cherry-picking.
- programmation d'UI (User Interface) pour l'automatisation de l'analyse des données et la génération de rapports.

Programmation sur Python, Criblage Enzymatique, Criblage haut-débit, Robot de pipetage, Excel, GUI coding

INGENIEUR EN BIOLOGIE QUANTITATIVE

Du 1^{er} Juillet au 30 août 2019:

Stage: Setting up of Machine-Learning and Deep-Learning methods for bioimages analysis in high content screening.

[ACQUIFER](#), Heidelberg, Allemagne. Sous la direction du Dr. L.Thomas.

- Découvert des bases de la computer vision.
- Développement de solutions de détection d'objets basées sur du Haar Cascade Classifiers.
- Développement d'algorithmes de détection d'objets et de classification utilisant des CNN et du transfert learning.
- Développement de workflows KNIME pour l'automatisation du procédé multistep d'analyse d'images en brightfield microscopy.

Programmation sur Python, Machine-learning, Deep-learning, MxNet, Détection d'objets, Analyse d'images, FIJI, KNIME

Du 9 juillet au 30 août 2018:

Stage: Preliminary study of a new epigenetic regulator in the cell.

[CNRS, UMR 7242](#) Illkirch-Graffenstaden, France. Sous la direction du Pi. M.Weber et du Dr. E.Héberlé.

PCR, Clonage, Culture cellulaire, Cytometrie de flux, Design d'ARN guides, Transfection, Extraction et purification de protéines, ADN et ARN

Du 15 mai au 31 août, 2017:

Stage: Expression of phytochromes in E.coli and molecular characterization of purified photoactive phytochromes.

[INSTITUTE OF BIOLOGIE II](#), Freiburg-Im-Breisgau, Allemagne. Sous la direction du Pi. A.Hiltbrunner et du Dr. C.Klose.

PCR, Clonage (Gibson cloning), Western blot, SDS-PAGE, Purification de protéines

EDUCATIONS:

De 2016 à 2020:

Etudiant en école d'ingénieur en biotechnologie. Option biotechnologies haut-débit.

[ESBS \(Ecole Supérieure de Biotechnologie de Strasbourg\)](#), Illkirch-Graffenstaden, France.

L'ESBS est une école d'ingénieurs couvrant un large spectre de différents domaines des biotechnologies, incluant par exemple l'immunotechnologie, la biochimie, la microbiologie, la biologie structurale ou la virologie. J'ai d'abord décidé de me spécialiser via des stages en génie génétique et en biologie moléculaire. Par la suite ma fascination pour les nouvelles technologies m'a poussé à m'intéresser aux biotechnologies à haut débit et au machine learning. C'est également à l'ESBS que j'ai pu grandement améliorer mes compétences en anglais et en allemand, les cours étant dispensés en français, en anglais et en allemand.

De 2018 à 2020:

Master biotechnologies haut-débit. Mention bien

[Université de Strasbourg](#), France.

Ce master, réalisé en parallèle des trois derniers semestres de l'ESBS, comprend des formations en Traitement des données, en biotechnologies à haut débit, en biologie comparative et en génétique humaine.

De 2014 à 2016:

Classe Préparatoire aux Grandes Ecoles (CPGE) biologie.

[Lycée La Martinière Duchère](#), Lyon, France.

Ces cours intensifs de deux ans, m'ont donné une solide expérience dans tous les domaines nécessaires pour intégrer une école d'ingénieur, ce qui incluent les biotechnologies, les mathématiques, la chimie, la biochimie, la physique et la programmation Python.

De 2012 à 2014:

Bac STL (Sciences, Technologies et Laboratoire). Mention très bien

[Lycée Louise Michel](#), Grenoble, France.

STL est une formation où j'ai appris les bases des biotechnologies et les bonnes pratiques de laboratoire pendant deux ans.

INGENIEUR EN BIOLOGIE QUANTITATIVE

Compétences:

Langues:

Français : Langue maternelle

Anglais : Avancé

Allemand : Intermédiaire

Espagnol: Débutant

Programmation:

-Pack office (Word, Excel ,PowerPoint,VBA(Notions)

-Git et GitHub

-Anaconda, VS Code, Jupyter

-Python 3.x: Avancé (Data analysis, GUI coding, ML,..)

-Machine-Learning/Deep-Learning: Pytorch, Tensorflow

-Data Science: OpenCV, Scikit-Image, Scikit-Learn, Pandas, SciPy,

-Visualisation de Data: Matplotlib, Seaborn, Plotly

-Gui Libraries: Tkinter, WxPython, PyQt5

-Développement Web (Notions): HTML5, CSS3, JavaScript

-Autres Langues (Débutant/Notions) : MySql, R, C++, Python2.x

Laboratoire:

-Bonne Pratique de Laboratoires

-Microscopie à fluorescence

-Microscopie en holotomographie

-Biologie Moléculaire: Extraction de nucléotide, Clonage, Electrophorèses, Transformation bactérienne

-Culture Cellulaire: Maintenance de ligné cellulaire, préparation d'échantillon

-Cytométrie en flux: FACS, Comptage de cellules

-Microbiologie

-Biophysique

Publications:

[Dynamic label-free analysis of SARS-CoV-2 infection reveals virus-induced subcellular remodeling](#)

Référent:

Dr. M.Fréchin PhD, Director, AI and Biology:
Mathieu.frechin@nanolive.ch

