

# STAGE EN BIOINFORMATIQUE

YOHAN BEAUMATIN

ÉTUDIANT INGENIEUR AGRONOME

SPÉCIALISATION BIO-INFORMATIQUE

06 63 51 52 66

GitHub: Yohan-b976

[yohan.beaumatin@agroparistech.fr](mailto:yohan.beaumatin@agroparistech.fr)

## FORMATION

2025

- AgroParisTech, cursus dernière année d'ingénieur, spécialisation en science des données et bio-informatique.

2022-2025

- AgroParisTech, cursus ingénieur dans le domaine Santé axé sur les Biotechnologies et les micro-organismes.

2019 - 2022

- Lycée Marcelin Berthelot, Classe préparatoire pour les Grandes Ecoles, BCPST

## EXPÉRIENCE PROFESSIONNELLE

- Projet d'identification de matricaire à partir d'image de drones - De Novembre 2025 à Février 2026

-Mise en œuvre et entraînement de modèles de détection d'objets par réseaux de neurones convolutifs, notamment YOLO.

-Développement d'un pipeline permettant l'identification automatisée sur des orthomosaïques haute altitude, en tenant compte des variations de hauteur de végétation et des conditions de prise de vue.

- Classification et de prédictions sur des bases de données en Machine Learning - Octobre 2025

-Pré-traitement des données, sélection de variables d'intérêt et entraînement de différents algorithmes de machine learning dans le cadre d'un projet appliqué.

-Évaluation des performances des modèles et proposition d'optimisations méthodologiques afin d'améliorer la robustesse et la précision des prédictions.

- Volontariat et réalisation d'un documentaire en Indonésie - Du 5 Mai 2025 au 30 Juillet 2025

-Volontariat au sein de l'association Gili Eco Trust à Gili Trawangan dans le cadre de la préservation des écosystème marin.

-Réalisation de modèle 3D et orthomosaïque de fond marins dans le cadre d'un suivi de l'état de santé de coraux. Cela a été réalisé avec le logiciel Agisoft Métashape.

- Stage à l'IRIM en Bio-informatique - Du 6 Janvier 2025 au 30 Avril 2025 -

-Analyse multi-omique (scRNA-seq, scProtéomique) : conception de workflows intégrés pour le prétraitemet, la normalisation et l'exploration des données de RNAseq et peptidiques.

-Identification de signatures biologiques pertinentes via l'intégration de données transcriptomiques et protéomiques.

-Utilisation d'outils de deep learning tel que SCVI et entraînements de modèles.

- Stage au LBPA à l'ENS, Assistant de recherche - Du 9 Septembre 2024 au 22 Décembre 2024

-Etude de l'impact de mutations compensatoires de la mLysRS sur la réplication de virus mutants afin de confirmer les mécanismes de transport de mLysRS dans le virion produit.

-Simulation des dynamiques d'infection du VIH dans une culture cellulaire selon la fraction de cellule transfectées par la mutation compensatoire en Python.

- Stage à la DGA MNRBC (Ministère des Armées) - Du 20 Mai 2024 au 31 Août 2024

-Etude de la détection et de la caractérisation des entérotoxines de *Staphylococcus aureus* et identification bio-informatique des gènes codant pour ces entérotoxines dans le cadre de mon stage de 2 ème année d'école d'ingénieur.

## COMPÉTENCES

### LANGUAGE INFORMATIQUE

Programmation: - Python

- R
- SQL

Logiciels et algorithmes: - Nextflow

- Docker
- ImageJ
- YOLO

### LANGUES MAITRISÉES

Anglais: Niveau C1,

Cambridge B2 validé