Emmanuel Quevillon

DevOps

horkko@gmail.com

+33 6 03 44 32 86

Française

Paris/France Timezone

emmanuelquevillon

horkko

horkko

Resume PDF

FORMATION

Master Bio-informatique, Modélistation et Statistiques
Université de Rouen - Mont Saint Aignan
2001

Master Biologie cellulaire et moléculaire
Université Joseph Fourrier - Grenoble
1999

DUT Biologie Appliquée
Université de Rouen - Evreux
1996

BAC D
Lycée Jeanne d'Arc - Rouen
1994

CERTIFICATIONS

- AWS Certified Cloud Practitioner
- HashiCorp Certified Terraform Associate (002)

LANGUES

Français (Natif)

Anglais (Courant)

CENTRES D'INTÉRÊTS

Crossfit

Moto

Plongée (CMAS 2)

A PROPOS

Biologiste de formation, DevOps aujourd'hui, j'ai des compétences hétérogènes. Je m'adapte aisément et rapidement à tout nouveau domaine de compétence. Apprendre de nouvelles technologies et relever de nouveaux défis sont mes motivations premières.

EXPERIENCES PROFESSIONNELLES

DevOps / SRE — 04/2022 - Aujourd'hui
SAFRAN - Magny les hameaux

Maintenance et automatisation de procédures d'installation et de configuration.

- SRE Cloud privé OpenStack, gestion d'usine logicielle pour plateforme BigData (GitLab, Artifactory, …)
- Migration d'aapplications dans le cloud (AWS)
- Migration d'infrastructures via IAC (Terraform)

DevOps / SRE — 04/2022 - Aujourd'hui
RedLab, Rouen

Mise en place d'une structure d'integration et deploiement continue (CI/CD) pour projets internes.

- Gestion, déploiement et optimisation d'application conteneurisée dans K8S
- Installation automatisée d'un cluster offline K8S (Ansible)
- Intégration & déploiement continue (Github actions, Docker) via une librairie partagée

DevOps / SRE — 02/2020 - 03/2021
MovingLab - Rouen

Maintenance et modernisation d'infrastructures Cloud et de déploiement automatique.

- SRE Cloud (AWS)
- Infrastructure as a Code (Terraform)
- Administration & automatisation (Packer / Ansible)
- Déploiement automatiques (Gitlab-CI, CodeDeploy, Docker)

DevOps / SRE — 09/2017 - 01/2020
OmicX - Rouen

Mise en place d'une architecture de production web complexe multisites virtualisée (VMware, ProxMox)

- Sécurisation réseau (Pfsense, iptables)
- Reverse proxy / Load balancing (Apache, HAproxy)
- Cluster de bases de données multi master (MariaDB/Galera)
- VPN multisites
- Répartition multisites (Europe, Canada, Singapour) via GeoIP (Cloudflare)

Mise en place d'un environnement de développement, test et déploiement automatique

- Automatisation via CI (GitLab) et CD (Ansible) en production
- Environnement de test (Docker, Docker registry)

Mise en place d'un environnement de R&D pour calculs intensifs

- Serveurs de calcul
- Serveurs de bases de données (MariaDB) et NoSQL (MongoDB)
- Services Docker

Développeur bioinformatique / Administrateur système — 04/2007 - 08/2017
Institut Pasteur - Paris

Gestion et mise à jour des données biologiques publiques pour le campus

- Maintenance et configuration via BioMAJ
- Scripts bash de soumission de jobs sur cluster de calcul (SLURM)
- Contributeur majeur et testeur du projet BioMAJ3
- Développement d'un outil contributaire, biomaj-manager

Développement d'applications bioinformatiques, suivi des projets, installation, maintenance et évolutions des applications en production.

- BiblioList: Gestion de références bibliographiques pour génomes annotés (Perl/PostgreSQL/Apache)
- BIGSdb: Gestion du typage par séquences multilocus. Développement d'un plugin de visualisation de phylogénie (Perl/PostgreSQL/Apache)
- dbNucleus: Gestion de données cliniques, génotypiques et phénotypiques d'autisme (Perl/PostgeSQL/Apache)
- Demultiplex: Gestion et suivi des séquençages hiseq (Illumina) et automatisation de tâches de démultiplexage (Cluster SLURM) (Python Django, PostgreSQL, Apache)
- PairedEnd: Outil de recherche de séquences PairedEnd chevauchantes (C++)
- CIF: Outil d'aide à la décision pour les constructions en biologie moléculaires (Perl, BioPerl)

Développeur bioinformatique — 06/2055 - 04/2007
INRA/Bayer CropScience - Every/Lyon

Mise en place d'un pipeline d'annotation automatique pour l'analyse fonctionnelle de génomes fongiques.

- Développement d'une librairie interne Perl de gestion d'ordonnancement d'étapes de workflow. Soumission de jobs sur cluster de calcul (SGE)
- Développement d'une application web pour la visualisation des résultats d'analyse (Perl CGI/PostgreSQL/Apache).

Développeur bioinformatique — 10/2022 - 05/2005
European BioInformatic Institute - Cambridge UK

Développement d'un logiciel de recherche de signatures protéiques sur des séquences du vivant (InterProScan).

- Réécriture d'InterPRoScan (modules Perl), mode CLI et Web
- Développement d'une librarire d'indexation de fichiers
- Intégration d'outils externes pour la recherche de signature protéiques
- Support utilisateur
- Packaging et distribution de version (outil et données)

COMPÉTENCES & APTITUDES