



Emmanuel Quevillon

DevOps

✉ horkko@gmail.com

☎ +33 6 03 44 32 86

📅 18 Juin 1976

🏠 Rouen

🌐 emmanuelquevillon

🔊 horkko

🔊 horkko

📄 Version PDF

🎓 FORMATION

Master Bio-informatique, Modélisation et Statistiques

Université de Rouen - Mont Saint Aignan
2001

Master Biologie cellulaire et moléculaire

Université Joseph Fourier - 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

SAFRAN - Magny les hameaux

04/2022 - Aujourd'hui

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

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

DevOps / SRE

RedLab - Rouen

04/2022 - Aujourd'hui

Mise en place d'une structure d'intégration et déploiement continu (CI/CD) pour projets internes.

- Gestion, déploiement et optimisation d'applications conteneurisées dans K8S
- Installation automatisée d'un cluster offline K8S (Ansible)
- Intégration & déploiement continu (Github actions, Docker) via une librairie partagée (GitHub actions)

DevOps / SRE

MovingLab - Rouen

02/2020 - 03/2021

Maintenance et modernisation d'infrastructures Cloud et de déploiements automatiques.

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

DevOps / SRE

OmicX - Rouen

09/2017 - 01/2020

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 multi-sites
- Répartition multi-sites (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

Institut Pasteur - Paris

04/2007 - 08/2017

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 évolution 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/PostgreSQL/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

INRA/Bayer CropScience - Every/Lyon

06/2005 - 04/2007

Mise en place d'un pipeline d'annotations 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

European BioInformatic Institute - Cambridge UK

10/2002 - 05/2005

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

