# Ingénieur Bioinformatique

#### Formation

2008-2010 Master Professionnel, mention Biologie Santé, spécialité Bioinformatique, Bordeaux 1, mention AB
2007-2008 Master 1, mention Biologie Santé, spécialité Biologie, Biotechnologie des Plantes, Bordeaux 1, mention AB
2006-2007 Licence 3, mention Biologie Santé, mention Biologie Cellulaire et Physiopathologie, mention AB
2004-2006 Classes Préparatoires aux Grandes Ecoles BCPST (Biologie Chimie Physique, Sciences de la Terre) au Lycée Michel de Montaigne, Bordeaux
2004 Baccalauréat Série Scientifique, spécialité Biologie, mention AB

## Expériences professionnelles

2012-2014

Ingénieur d'étude en bioinformatique (Contrat à durée déterminée 2 ans) à l'IPBS (Institut de Pharmacologie et Biologie Structurale) : Traitement de données de spectrométrie de masse appliquée à la protéomique (Java, Scala, C++). Participation au projet national ProFI (Proteomic French Infrastructure) en collaboration avec les plateformes protéomiques de Strasbourg et Grenoble.

- → Développement d'un nouveau format performant pour le stockage de données de spectrométrie de masse (mzDB : <a href="https://github.com/mzdb/pwiz-mzdb">https://github.com/mzdb/pwiz-mzdb</a>)
- → Développement d'algorithmes dédiés à la quantification protéiques sans marquage au sein du logiciel Proline (projet ProFI).
- → Interface graphique représentant des données de spectrométrie de masse en 3D (javascript, Typescript)

2011-2012

Ingénieur d'étude (Contrat à durée déterminée 6 mois), à l' INRA de Saint Martin du Touch :**Traitement de données de spectrométrie de masse(C/Python)** en continuité de mon stage.

- → présentation d'un poster au x journées du Réseau Français de Métabolomique et Fluxomique(RFMF)
- → déploiement de l'application

2010

Stage de fin d'étude de 6 mois, dans le cadre du master 2 Bioinformatique professionnel, à l'INSA (Institut National des Sciences Appliquées) de Toulouse, ainsi qu'à l'INRA de Saint Martin du Touch coencadré par Fabien Létisse et Fabien Jourdan : **Traitement de données de spectrométrie de masse (C/Python)** 

- → mise en place d'algorithmes novateur pour l'identification de métabolites au sein d'un échantillon
- → Création d'une interface graphique (Qt)

2009

Stage de 3 mois dans la cadre du master 1 Bioinformatique au LaBRI (Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique) sous la direction de Marie Aimar (LaBRI) : **Réalisation d'un logiciel calculant des règles d'association à partir de modes élémentaires(exemple chez la tomate) (Java)** 

- → Utilisation des algorithmes de Data-Mining: A-priori et FP-Tree
- → Réalisation d'une interface graphique (JAVA Swing)

Stage de 3 mois dans le cadre de ma formation à l'INRA (Institut National de la Recherche Agronomique) de Villenave d'Ornon sous la direction de Pierre Baldet, UMR 509 :**Etude de mutants pour un gène de la synthèse de l'acide ascorbique (Vitamine C) chez la tomate :** 

- → Caractérisation phénotypique de mutants
- → Expériences Biologie Moléculaire: PCR, RT-PCR, Q-PCR
- → Etude de la structure pariétale des mutants par microscopie

## Compétences

#### Informatique:

OS: Windows 7, Windows 8, Unix-Like (utilisation quotidienne de Ubuntu)

Langages de programmation: C; C++; Java, Scala; Python; Perl

Frameworks Web: Play! (Java/Scala), Flask(Python)

Outils Web: HTML, CSS, XML, JSON, JavaScript, Typescript Bases de données: MySQL, postgreSQL, SQLite, MongoDB

Environnement de développement: Eclipse(Java/Scala), IntelliJ(Java/Scala), PyCharm(Python), QtCreator(C++),

WebStorm(javascript), SublimeText

Statistiques et Data-mining: R, python (Scikits-learn)

Autres: Utilisation d'un cluster de calcul avec Sun Grid Engine: Plateforme Bioinformatique de Toulouse

## Biologie, Biotechnologie:

Bonnes connaissances théoriques en Biologie Végétale et Développement, et Biotechnologie facilitant la dialogue avec le biologiste.

Biologie Moléculaire: PCR, RT-PCR, Q-PCR, Western Blot

#### Intérêts

Sports, badminton, tennis de table

Nouvelles technologies, développement applications mobiles