

Basile JUMENTIER

23 ans

basile.jumentier@gmail.com

07 50 26 71 95

Anglais : compréhension
écrite et orale niveau courant

Curriculum Vitae

Formations

Diplôme Universitaire (2017-2018), Mention Université Entreprise, **UGA**.

- Anglais scientifique
- Gestion de projets
- Vulgarisations scientifiques

Master 2 (2016-2017), Mention Biodiversité Ecologie Evolution parcours Dynamique et Modélisation, **UGA**.

- Semaine de stage au Col du Lautaret : **campagne d'échantillonnage** de sols et **inventaire floristique**
- Projet tutoré en **Bioinformatique** : **Programmation** de l'algorithme de **Needleman-Wunsch** en langage **R**
- Réalisations d'une **Review** Bibliographique sur la Métatranscriptomique en anglais (*Zotero*)
- Modélisations (Régression linéaire et logistique, Modèle linéaire généralisé) et Biogéographie.

Master 1 (2015-2016), Mention Biodiversité Ecologie Evolution, **UGA**.

- Projet tutoré en **Ecotoxicologie** : Étude et recherche d'un **biomarqueur** d'effet et d'exposition chez *Aedes aegypti*
- Ecologie Evolutive, Ecologie Fonctionnelle et Conservation
- Statistiques **Univariées** et **Bivariées**
- Utilisation de logiciels de **Cartographie** (*Qgis* et *Arcgis*)

Licence (2012-2015), Mention Biologie Générale, **UGA**.

Expériences de Recherches

CDD TIMC-IMAG (octobre 2018 - 20 janvier 2019) : Valorisation scientifique (rédaction d'articles) du travail effectué durant le stage de diplôme universitaire.

Stage de Diplôme Universitaire (février-juillet 2018) : « Analyse causale en épidémiologie épigénétique : l'analyse de médiation » sous la direction d'Olivier François, Professeur des Université au **TIMC-IMAG**.

- Etudes comparative des méthodes bioinformatique d'ajustement des facteurs latents dans les études d'association (liste des méthodes : LFMM, CATE, dSVA, SVA, RUV, RefFreeEWAS)
- Développement d'un **package R** permettant de réaliser des analyses de médiations sur des données de méthylation d'ADN
- Contribution à la rédaction de documents scientifiques (articles et poster)

Stage de Master 2 (janvier-juin 2017) : « Analyses Taxonomiques et Fonctionnelles des Métatranscriptomes de Sols Alpains » sous la direction de Roberto Geremia, Directeur de recherche au Laboratoire d'Ecologie Alpine (**LECA**) de Grenoble.

- Programmation en **Bash** (Shell Unix) sur des **Clusters de calculs**
- Utilisation de programmes utilisant des algorithmes de comparaison de séquences (*BLAST*, *SORTMERA*, *DIAMOND*, *HMMER*)
- Utilisation de nombreuses **bases de données** protéiques et d'ARN (*TrEMBL*, *Swiss-Prot*, *SILVA*)

Stage de Master 1 (avril-mai 2016) : « Comparaison des Métatranscriptomes de Sols Alpains » sous la direction de Roberto Geremia (**LECA**).

- Analyse de Séquençage Haut Débit (**RNAseq**)
- Utilisation approfondi de **R** (packages : *Deseq2*, *Deseq*, *Ade4*, *Vegan*, *ggplot2*)
- Statistiques **Multivariées** (*PCA*, *PCoA*, *NMDS*, *AFC*)
- Recherche de **métatranscriptomes** appartenant à des voies métaboliques en lien avec le **cycle du carbone**

Travaux Réalisés

Caye, Kevin and Jumentier, Basile and Francois, Olivier. LFMM 2.0: Latent factor models for confounder adjustment in genome and epigenome-wide association studies. 2018. bioRxiv. doi : 10.1101/255893. En cours de révision dans le journal Bioinformatics (IF=7.3).

Jumentier, Basile and François, Olivier and Lepeule, Johanna. The key role of choice of latent factor adjustment methods in association studies and mediation analyzes. March 2018. Workshop: Data Science in the Alps.