

# BERAUD Mélanie

Dr. Microbiologie, Biologie Moléculaire, Technicienne supérieure en Biotechnologie, Data Scientist.

*Chargée de projet en biologie moléculaire et microbiologie*

## Expérience professionnelle

### BioMol



### Biochimie



### Microbiologie



### Omics

Gen-, Prot-



### Programmation

Python, R,  
VBA (Excel)



### Soft skills

Pensée critique,  
Pensée analytique,  
Pluridisciplinarité,

Adaptabilité,  
Enthousiasme,  
Autodidacte,

Tutorat,  
Management

 **Anglais**  
Professionnel 'fluent'

 **Français**  
Langue maternelle

 **Allemand**  
Intermédiaire

2023:  
6 mois

**Enseignante en Biotechnologie Biologie Moléculaire,**  
Lycée technique Galilée, Genevilliers, France

\* BTS Biotechnologie et lycéens 1ère STL.

2021-2022:  
18 mois

**Manager de la Plateforme de séquençage du Genoscope,**  
Seqlab, Genoscope, CEA, Evry, France

Plateforme spécialisée dans le séquençage NGS d'échantillons environnementaux, animaux et à haut impact environnemental.

\* Gestion quotidienne de la plateforme de séquençage Illumina : Personnels, équipements, consommables, organisation, réunions, gestion des problèmes, présentations publiques,  
\* Suivi des échantillons et des projets, de la conception à la livraison,  
\* Rapports réguliers, statistiques, visualisations, requêtes sur le LIMS interne,  
\* Point de contact pour les collaborateurs réguliers (analyses bioinformatiques, service comptabilité, fournisseurs).

2018-2021:  
2 ans 1/2

**Ingénieure souche,** Lipofabrik, Lesquin, France

Production d'une molécule biostimulante et anti-fongique par un Bacillus environnemental.

\* Mutagenèse ciblée ou aléatoire à haut-débit en utilisant des techniques OGM et non-OGM,  
\* Criblages automatisés (Plateforme robotisée Realcat de l'Université de Lille),  
\* Maintenance des équipements, gestion des stocks et des déchets, mise en place des bases de données de stockage des souches et amorces,  
\* Design et mise en oeuvre des analyses transcriptomiques (puces à ADN - Institut Pasteur de Lille) et des séquençages (PacBio, Illumina, Sanger – Genoscreen, Université de Gembloux),  
\* Analyse fonctionnelle des résultats de séquençage et des variations ponctuelles, enregistrement des souches auprès du Haut Conseil des Biotechnologies (HCB),  
\* Analyse qualitative d'échantillons destinés à la production (L2, profiling MALDI),  
\* Encadrement d'une technicienne.

2013-2017:  
4 ans 1/2

**Chercheuse en biologie moléculaire et microbiologie environnementale,** Laboratoire de Protéomique et Microbiologie, Université de Mons, Mons, Belgique

Projet soutenu par BELSPO, Suivi des communautés microbiennes aquatiques face à des stress abiotiques. Laboratoire/Plateforme de protéomique.

\* Mise en oeuvre de communautés synthétiques à partir de bactéries environnementales,  
\* Mise en place de protocoles pour le suivi taxonomique (qPCR en batch, DGGE) et fonctionnel (spectrométrie de masse, ESI-TOF/TOF) des communautés,  
\* Mise en place de bases de données, et de pipelines automatisés pour l'analyse fonctionnelle et statistique des résultats,  
\* Gestion du projet, réunions et rapports, présentations dans des congrès internationaux,  
\* Encadrement d'étudiants M2, doctorant et technicien.

2007-2013:  
Equi. 5 ans

**Chercheuse en biologie moléculaire**

Max-Planck Institut Biochemistry, Planegg bei München, Allemagne  
Ségrégation des chromosomes chez Bacillus subtilis.

Institut Pasteur, Paris, France  
Caractérisation d'un régulateur transcriptionnel chez Salmonella typhimurium.

\* Mutagenèse ciblée, Mutagenèse dirigée, Golden Gate cloning,  
\* Caractérisations phénotypiques et génomiques des constructions, et criblage à haut-débit automatisé,  
\* Biologie moléculaire, biochimie, qPCR, ChIP, microscopie à fluorescence,  
\* Mise en place de scripts d'analyse et de mise en forme des résultats,  
\* Analyse fonctionnelle des résultats via de multiples logiciels, plateformes et serveurs internet.

# BERAUD Mélanie

Dr. Microbiologie, Biologie Moléculaire, Technicienne supérieure en Biotechnologie, Data Scientist.

Chargée de projet en biologie moléculaire et microbiologie

## Formation

2024: 4 mois	<b>Data Science &amp; engineering</b> , Jedha Bootcamp, Paris, France <ul style="list-style-type: none"><li>* Programmation Python, jupyter notebooks, VSCode,</li><li>* Déploiement et environnements partagés de travail, docker, github,</li><li>* Gestion de projet: trello, notion, canvas,</li><li>* Visualisation graphique, data cleaning,</li><li>* Data management, stockages (Amazon), SQL, Big data,</li><li>* Machine learning supervisé, non supervisé, deep learning,</li><li>* <u>Projet de fin d'étude</u>: 'EmoTycoon : Application de reconnaissance des émotions à destination des enfants autistes' -&gt; github: kumquat42.</li></ul>
2007-2010: 3 ans	<b>Doctorat Microbiologie</b> , Université Denis Diderot (Paris-Cité), Paris, France <ul style="list-style-type: none"><li>* <u>Thèse</u>: Le locus yciGFE(katN) du régulon <math>\sigma^S</math>: Régulation différentielle chez E. coli et Salmonella par H-NS et le régulateur YncC.</li></ul>
2004-2007: 3 ans	<b>Licence, Master Biochimie, Microbiologie, Biologie Moléculaire, Genomique</b> , Université Denis Diderot (Paris-Cité), Paris, France  Université Paris-Sud, Orsay, France
2002-2004: 2 ans	<b>BTS Biotechnologie</b> , ENCPB, Paris, France

## MOOCs

2020:	<b>BIG : BioInformatique pour la Génétique Médicale</b> , Université de Paris via FUN <ul style="list-style-type: none"><li>* Appel des bases, appel des variations génétiques, fichiers associés: FASTA, FASTQ, vcf, BAM, SAM, CRAM, critères qualité.</li></ul>
2018:	<b>Python 3 : des fondamentaux aux concepts avancés du langage</b> , Université Côte d'Azur via FUN
2016:	<b>Bioinformatics: Genomes and Algorithms</b> , INRIA via FUN <ul style="list-style-type: none"><li>* Basic algorithms for gene prediction, Boyer-Moore algorithm, index and suffix trees, markov models, sequence comparison algorithms, costs, trees, UPGMA.</li></ul>
2016:	<b>Analyse des données multidimensionnelles</b> , AgroCampus Ouest via FUN <ul style="list-style-type: none"><li>* Programmation R, FactoMineR, ACP, CAH, ANOVA, MANOVA.</li></ul>
2018:	<b>Introduction à la statistique avec R</b> , Université Paris Sud via FUN <ul style="list-style-type: none"><li>* Programmation R, R Markdown, Rstudio,</li><li>* Visualisations graphiques, gestion et encodage des données,</li><li>* Statistiques ; tests, comparaisons, corrélations, intervalles, anova, ACP, CAH</li></ul>

**Biblio**  
**Schmidt et al., 2024;**  
10.1073/pnas.2313312121

**Fouteau et al., 2022;**  
10.1128/mra.00132-22

**Matallana-Surget et al., 2017;**  
ISBN: 9780081022689

**Levi-Meyrueis et al., 2015;**  
10.1093/nar/gku1379

**Beraud et al., 2010;**  
10.1074/mcp.M110.002493

**Volontariat MeepleClub, 2022-...**  
Organisation d'évènements tout public

**Data4Good, 2024**  
Data Scientist

**StaPa, 2008-2010**  
Organisation d'évènements scientifiques et de loisirs

**Loisirs**

