

# BERAUD Mélanie

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

*Passionnée par la programmation, je cherche un contrat de professionnalisation pour intégrer un M2 bioinformatique en alternance.*

## 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 de séquençage spécialisée dans les échantillons environnementaux, animaux et les projets 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),  
\* Encadrement d'une technicienne.

2013-2017:  
4 ans

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

Modèles de simulation du comportement de communautés naturelles aquatiques face à des stress abiotiques, appuyés par des données biologiques..

\* 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) 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 softwares, plateformes et serveurs internet.



0033 (0)6 67.02.75.87, ✉ melanie.beraud@gmail.com

# BERAUD Mélanie

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

... en reconversion professionnelle 'bioinformatique'

## Formation

2024:  
4 mois

**Data Science & engineering**, Jedha Bootcamp, Paris, France

- \* Programmation Python, pandas, numpy, matplotlib, jupyter notebooks, IDE,
- \* Visualisation graphique, data cleaning, pyplot, seaborn, streamlit, dash,
- \* Data management, stockages (Amazon), scrapping, scrappy,
- \* SQL,
- \* Big data, Spark,
- \* Machine learning supervisé, non supervisé, deep learning, sklearn, tensorflow, pytorch,
- \* Déploiement et environnements partagés de travail, API, Heroku, docker, MLFlow, github,
- \* Projet de fin d'étude: 'EmoTycoon : Application de reconnaissance des émotions à destination des enfants autistes'.

2007-2010:  
3 ans

**Doctorat Microbiologie**, Université Denis Diderot (Paris-Cité), Paris, France

\* Thèse: Le locus yciGFE(katN) du régulon  $\sigma^S$ : Régulation différentielle chez E. coli et Salmonella par H-NS et le régulateur YncC.

2004-2007:  
3 ans

**Licence, Master Biochimie, Microbiologie, Biologie Moléculaire, Genomique**,

Université Denis Diderot (Paris-Cité), Paris, France

Université Paris-Sud, Orsay, France

2002-2004:  
2 ans

**BTS Biotechnologie**, ENCPB, Paris, France

## 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'événements tout public

**Data4Good, 2024**

Data Scientist projets Interhop et Seastemik

**StaPa, 2008-2010**

Organisation d'événements

## Loisirs



## MOOCs

2020:

**BIG : BioInformatique pour la Génétique Médicale**, Université de Paris via FUN

- \* Génomique et maladies rares, oncologie, variations génétiques, phénotypes,
- \* Le CNRGH, les techniques de séquençage, les séquenceurs et leurs capacités,
- \* Appel des variations génétiques, fichier vcf, alignement, BAM, SAM, CRAM, critères qualité,
- \* Appel de bases (séquençage), FASTA, FASTQ.

2018:

**Python 3 : des fondamentaux aux concepts avancés du langage**, Université Côte d'Azur via FUN

2016:

**Bioinformatics: Genomes and Algorithms**, INRIA via FUN

- \* DNA sequencing, whole genome sequencing vs Sanger,
- \* Basic algorithms for gene prediction, Boyer-Moore algorithm, index and suffix trees, markov models, sequence comparison algorithms, costs, trees, UPGMA.

2016:

**Analyse des données multidimensionnelles**, AgroCampus Ouest via FUN

- \* Programmation R, FactoMineR,
- \* ACP – analyse en composantes principales, analyse factorielle des correspondances, analyse des correspondances multiples, analyse factorielle multiple, CAH - classification hiérarchique ascendante.

2015:

**Introduction à la statistique avec R**, Université Paris Sud via FUN

- \* Programmation R, R Markdown, Rstudio,
- \* Visualisations graphiques, gestion et encodage des données,
- \* Intervalles de confiance, mesures de dispersion, coefficients de corrélation, tests statistiques (Pearson, Neyman), comparaison de pourcentages et de moyennes, test de nullité d'une corrélation, t-test, analyses de variance, régression linéaire, régression logistique, anova,
- \* Introduction aux méthodes multidimensionnelles (ACP, CAH).



0033 (0)6 67.02.75.87, ✉ melanie.beraud@gmail.com



kumquat42