



Étudiant en **Master 2 de Bioinformatique**, spécialisé dans l'**analyse de données** omiques, le développement de **workflows** automatisé et reproductibles ainsi que le développement d'**applications web/mobile** pour la biologie. Passionné par la recherche appliquée et fondamentale, je suis motivé à contribuer à des projets scientifiques et innovants à l'interface entre la biologie et la data science.

COMPETENCES

Programmation & Scripts: Python, R, C sharp, Bash, SQL, Javascript

Bioinformatique : Analyse de données omiques (QC, mapping, base calling etc..), spatial et scRNA-Seq, ChIP-seq,

Frameworks & Tools: DotNet, Streamlit, Flask, Jango, javascript, Git

Data Science: Machine Learning (Scikit-learn), Data Visualization (Matplotlib, Seaborn, Plotly), Pandas, Numpy

Soft Skills: Esprit analytique • Rigueur • Collaboration • Adaptabilité • Présentation • Coacher une équipe.

Langues : Anglais B2, Français maternelle.

EXPÉRIENCES PROFESSIONNELLES

- **Influence du régime alimentaire sur la dynamique des gènes de dégradation de la lignocellulose, LEHNA** *En cours*

Objectif : Étudier l'impact du changement de régime alimentaire sur l'évolution du répertoire de gènes de dégradation de la lignocellulose chez les isopodes *Asellidae*, en comparant des espèces de surface et souterraines.

Réalisations en cours : Base calling des données de séquençage, Assemblage et annotation génomique automatisés via Snakemake, Analyse comparative des génomes de dix paires d'espèces, Caractérisation des gènes CAZymes.

Résultats :

- **Analyse de l'expression des ERVs chez les petits ruminants, INRAE(IVPC) & LBBE** *Jan-Juillet 2025*

Objectif : Mettre en évidence l'expression des familles **ERVII-5** et **ERVII-3** dans différents tissus cibles.

Réalisations : Exploration de métadonnées (NCBI-SRA), développement application Flask pour la visualisation des données, traitement avancée et analyse de données, présentation des résultats, rédaction de rapport scientifique, utilisation de clusters HPC (slurm), gestion des ressources et l'automatisation de pipeline.

Résultats : Mise en évidence de l'expression de la famille ERVII-5 dans l'utérus, l'oviducte chez les adultes, ainsi qu'aux stades embryonnaires 4, 8 et 16 cellules.

- **Analyse des d'éléments transposables (TE) chez *Drosophila* et le virus (IIV6), LBBE** *Avr-Juillet 2024*

Objectifs : Étudier l'expression des TE chez *Dmel* et le virus *IIV6*, et évaluer la surexpression potentielle induite par l'infection virale.

Réalisations : Traitement et analyse de données génomiques et transcriptomiques, étude bioinformatique des insertions d'ET dans le génome viral, visualisation et annotation des données à l'aide d'IGV.

Résultats : Mise en évidence d'une surexpression des éléments transposables induite par l'infection virale et identification de plusieurs familles d'ET insérées dans le génome du virus.

FORMATIONS

- **Master en bioinformatique, UCB lyon1** *2023-2026*

Programme interdisciplinaire à l'interface de la biologie, de l'informatique et de la data science, appliqué à la génomique et à la santé. Formation axée sur l'analyse et la visualisation de données (*Python, R*), la modélisation statistique, les bases de données SQL, l'apprentissage automatique et les technologies Big Data. **Spécialisation** en génomique, transcriptomique et protéomique.

- **Licence en bioinformatique, Université de Nice** *2022-2023*

Formation combinant biologie, mathématiques et informatique, axée sur l'analyse et la modélisation des systèmes biologiques. Acquisition des compétences nécessaires à la gestion et à l'interprétation des données haut-débit, ainsi qu'à la mise en œuvre d'outils bio-informatiques pour l'étude du vivant.

- **Licence en biologie des organismes des populations et de l'environnement, Université d'Orléans** *2019-2022*