



07 69 68 48 61 | tidjanicisse48@gmail.com

Étudiant en Master 2 de Bioinformatique, spécialisé dans l'analyse de données omiques, la conception et l'implémentation de workflows automatisés et reproductibles ainsi que le développement d'applications web/mobile pour la biologie. Motivé par la recherche appliquée, je souhaite contribuer à des projets scientifiques innovants à l'interface entre la biologie et la data science, tout en continuant à monter en compétence dans des environnements collaboratifs et structurés.

COMPETENCES

Bioinformatique : Réaliser des analyses de données omiques : QC, mapping, base calling, annotation génomique, Transcriptomique bulk et single-cell RNA-Seq, ChIP-seq, données spatiales, Analyse comparative de génomes, annotation fonctionnelle (CAZymes, TE, ERVs).

Programmation & Scripting : Python, R, Bash, SQL, JavaScript, C#, Concevoir et implémenter des pipelines automatisés (Snakemake), Déploiement et exécution sur environnement Linux et clusters HPC (SLURM).

Frameworks & Tools: DotNet, Streamlit, Flask, Django, javascript, Git, Conda, Docker, Singularity

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 : Planifier et réaliser le traitement des données de séquençage (base calling, assemblage), Concevoir et implémenter des pipelines automatisés d'assemblage et d'annotation génomique via Snakemake, Piloter des analyses comparatives de génomes sur dix paires d'espèces, Contribuer à la caractérisation fonctionnelle des gènes CAZymes, Collaborer à l'interprétation biologique des résultats avec les chercheurs du laboratoire.

- **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 : Réaliser l'exploration et la sélection de métadonnées issues de NCBI-SRA, Concevoir et implémenter une application web (Flask) pour la visualisation interactive des données, Piloter des analyses transcriptomiques avancées sur cluster HPC (SLURM), Automatiser les pipelines d'analyse et gérer les ressources de calcul, Présenter les résultats aux équipes partenaires et rédiger un rapport scientifique.

- **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 : Réaliser le traitement et l'analyse de données génomiques et transcriptomiques, Contribuer à l'étude bioinformatique des insertions d'éléments transposables dans le génome viral, Visualiser et annoter les données à l'aide d'IGV, Collaborer à l'interprétation des résultats avec les biologistes du projet.

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*
- **Licence en sciences agronomiques, *Université de Parakou*** *2012-2015*