

Mon site web

LinkedIn

Tidjani CISSE



Futur Bio-informaticien junior • Spécialiste Multi-omics & RNA-Seq

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

- **Le régime alimentaire influence-t-il 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 : Planification et traitement des données de séquençage (base calling, assemblage), Conception et implémentation de pipelines automatisés d'assemblage et d'annotation génomique via Snakemake, Analyses comparatives de génomes sur dix paires d'espèces, Caractérisation fonctionnelle des gènes CAZymes, Interprétation biologique des résultats avec les chercheurs du laboratoire.

Encadrants : Clementine François, Tristan Lefebure, Annabelle Haudry & Anamaria Nesculea (Enseignants chercheurs à université Claude Bernard Lyon 1)

- **Les rétrovirus endogènes sont-ils toujours actifs 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 et la sélection de métadonnées issues de NCBI-SRA, Conception et implémentation d'une application web (Flask) pour la visualisation interactive des données, Analyses transcriptomiques avancées sur cluster HPC (SLURM), Automatisation les pipelines d'analyse et gérer les ressources de calcul, Présenter les résultats aux équipes partenaires.

Encadrants : Jocelyn Turpin & Emmanuelle Lerat (Enseignants chercheurs à université Claude Bernard Lyon 1)

- **L'infection par le virus IIV6 influence-t-elle l'expression des éléments transposables chez Drosophila melanogaster ?**
LBBE Avr-Juillet 2024

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

Réalisations : Traitement et analyse de données transcriptomiques issues de séquençage de 2e (Illumina) et 3e génération (Nanopore), Etude bioinformatique des insertions d'éléments transposables dans le génome viral, Visualisation des données à l'aide d'IGV, Interprétation des résultats avec les biologistes du projet.

Encadrant : Vincent Lacroix (Enseignant chercheur à université Claude Bernard Lyon 1)

FORMATIONS

- **Master en bioinformatique, UCB Lyon 1** 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 (BENIN)** 2012-2015