

BIO-INFORMATIQUE

 Traitement des données: RNASeq illumina, DNASeq Nanopore, Single Cell, ChipSeq, HiSeq, Protéomique quantitative ciblée par LC-MS/MS, Blast

Bases de données : MySQL, XPath/XQuery

(XML), SPARQL (RDF)

Web: CSS, HTML

Edition: Latex

 Modélisation moléculaire: Prédiction des structures 3D des protéines, Drug disign, Dynamique moléculaire, Docking,

BIOLOGIE - AGRONOMIE

- Sds page, PCR
- Extraction, amplification et séquençage des acides nucléiques
- Conseils en protection des espèces en voie de disparition.
- Immunologie ELISA

LINGUISTIQUE

- Anglais niveau B1
- Français langue maternelle

CENTRES D'INTERET

- Football et encadrement de jeunes
- Aides dans les associations humanitaires

EXPÉRIENCES PROFESSIONNELLES

ANALYSE DES DONNÉES GENOMIQUE ET TRANSCRIPTOMIQUE (stage M1)

- Avril 2024 (en cours) | LBBE (UCBL1), France
 - Traitement des données RNASeq illumina/DNASeq Nanopore,
 - Analyse des insertions d'éléments transposable dans le génome viral (IIV6),
 - Visualisation des données sur IGV.

PROJET DE PRÉDICTION DE LA STRUCTURE 3D DES PROTEINES EN UTILISANT L'HOMOLOGIE PERSISTANCE ET ALPHA FOLD 2

- Janvier Mars 2023
 - Prédiction et analyse des molécules protéiques avec alpha fold2

CONCEPTION ET CREATION D'UNE BASE DE DONNÉES POUR UN HERBIER VIRTUEL

- Septembre Décembre 2023
 - Création des tables en SQL, Migration des données d'une base vers une autre, Suppression des doublons, Optimisation d'une base de données.