

INGENIEUR BIOINFORMATICIEN

COMPETENCES

BIOINFORMATIQUE :

- Interagir avec les biologistes en proposant des solutions informatiques.
- Implémentation et utilisation des algorithmes d'analyses de séquences (alignement).
- Gestion de données biologiques (base de données).
- Conception de modèles conviviaux de visualisation des données (Interface graphique, création de site web).

INFORMATIQUE :

Systemes d'exploitation : Windows, LINUX, UNIX, MAC OS X, CentOS, RedHat.

Programmation : BASH, AWK, SQL (MySQL/PostgreSQL), C, JAVA, PERL, PYTHON.

Programmation Web : XHTML, CSS, PHP, PYTHON (CGI), Django, JAVASCRIPT, AJAX, JQUERY.

Développement collaboratif : Eclipse, PyCharme, SVN, Git, Redmine, ChiliProject.

Mathématique et statistique - Fouille de données : Scilab, R, Clustering, Arbre de décision.

Génomique – NGS : Blast, ClustalW, FastQC, Trimmomatic, BWA, SAMTOOLS, SnpEff, R(Bioconductor), IGV, Galaxy.

LANGUES :

- Arabe (Maternel) – Français (Maîtrise) – Anglais (Courant) – Espagnol, Italien (Notions).

EXPERIENCES PROFESSIONNELLES

CDD

01/14-06/15 : Poste actuel, IE en bioinformatique (Développeuse - Analyste)

Labo. Histologie-Embryologie-Cytogénétique, Hôpital Necker-Enfants Malades (Paris 75, France)

PROJET : DÉPISTAGE AVANCE NON-INVASIF DE LA TRISOMIE 21 FŒTALE SUR DU SANG MATERNEL.

- Mise en place d'un workflow : pipeline d'analyse bioinformatique et biostatistique (NGS-HiSeq1500).
- * Génération automatique de rapports des résultats obtenus (Latex).
- * Déploiement d'une application (GUI en PyQt) pour le lancement, le contrôle et la gestion du workflow.
- * Création d'une base de données pour la gestion des données et des résultats.
- * Développement d'une interface web pour l'interrogation des données.

05/13-09/13 : IE en bioinformatique (Développeuse - Analyste) : 4mois

Institut Jean-Pierre Bourgin, UMR 1318 INRA-AgroParis Tech - INRA (Versailles 78, France)

PROJET : ETUDE DES MUTATIONS EMS CHEZ *Arabidopsis thaliana*.

- Développement d'outils et leur intégration au sein du pipeline d'analyse de données NGS.
- Traitements et analyses de données de séquençage (NGS) de type HiSeq 2000.
- Recherche de variants génétiques (SNP, INDELS) dans des mutants EMS.
- Rédaction de rapport d'analyses et de la documentation pour les outils développés (Latex).

MASTER

2012 : Stage en bioinformatique (6mois).

Collaboration entre l'Unité de Mathématique et Informatique du Génome (MIG) et l'UMR de Microbiologie de l'Alimentation au service de la Santé (MICALIS) – INRA (Jouy-En-Josas 78, France).
PROJET : ETUDE DE L'INFLUENCE DU MICROBIOTE INTESTINAL SUR L'AXE DU STRESS AIGU CHEZ LE RAT PAR DES APPROCHES : PROTEOMIQUE, TRANSCRIPTOMIQUE ET BIOINFORMATIQUE.

-Traitement de données de la spectrométrie de masse.

-Création d'une base de donnée.

-Création d'un site web pour intégrer et interroger les données biologiques.

2011 : Stage en bioinformatique (5mois).

Institut des Sciences du Végétal (ISV) – CNRS (Gif-Sur-Yvette 91, France).

PROJET : DEVELOPPEMENT D'OUTILS BIOINFORMATIQUES DESTINES AUX ANALYSES QUANTITATIVES DE LA SPECTROMETRIE DE MASSE A HAUT DEBIT DE TYPE : « LABEL FREE SPECTRAL COUNTING ».

- Développement, en Python, d'outils d'extraction et de filtration de données à partir de Mascot.

LICENCE

2010 : Stage en bioinformatique (3mois)

Institut de biologie synthétique et systémique (issb) – GENOPOLE (Évry 91, France).

PROJET : ANNOTATION DE SEQUENCES D'ADNc COMPLETS DE *Xenopus tropicalis*.

-BioPerl, EMBOSS (l'outil vectorstrip), blastn, blastx.

ETUDES

2010-2012
2009-2010

Obtention de Master professionnel en Génomique et Post Génomique (GPG) parcours (GBI).

Obtention de Licence parcours Génie Biologique et Informatique (GBI).

UNIVERSITE D'ÉVRY VAL D'ESSONNE - (Évry 91, France)

CENTRES D'INTERETS

LECTURE, CINEMA, JARDINAGE ET SPORT.