



Curriculum vitae

Infos personnelles

PRÉNOM/NOM DE FAMILLE Léa BELLENGER

ADRESSE E-MAIL bellenger.lea@gmail.com

LINKEDIN [linkedin.com/in/lea-bellenger](https://www.linkedin.com/in/lea-bellenger)



PROFIL **Ingénieure bio-informatique spécialisée en génomique**

Expérience

DATES	Décembre 2017 - présent
POSITION	Ingénieure biologiste en traitement de données
EMPLOYEUR	US 29 - Omique (Inserm)
SECTEUR	Plateforme de bioinformatique ARTbio, Institut de Biologie Paris Seine (IBPS)
DATES	Février 2017 - Juillet 2017
POSITION	Stagiaire
RESPONSABILITÉS	Annotation fonctionnelle de résultats de GWAS et d'analyses d'expression différentielle
EMPLOYEUR	Institut du Thorax (UMR 1087- CNRS UMR 629)
RESPONSABLES	Audrey BIHOUEE et Christian DINA
DATES	Mars 2016 - Avril 2016
POSITION	Stagiaire
RESPONSABILITÉS	Développement d'un script R d'analyse de simulations de dynamique moléculaire
EMPLOYEUR/ADRESSE	Laboratoire BNMI (UMR CNRS 6214-UMR Inserm 1083)
RESPONSABLE	Marie CHABBERT

Production

NOM	Package R Bios2cor
POSITION	Contributrice
DÉTAILS	Analyse de simulations de dynamique moléculaire à partir de séquences http://bit.ly/bios2cor
NOM	Outil galaxy cpm_tpm_rpk
POSITION	Développeur
DÉTAILS	Normalisation de données d'expression brutes



Curriculum vitae

Formation

DATES	Juin 2018
OBJET	Ecole CNRS sincellTE
DÉTAILS	Analyse bioinformatique des méthodes en cellules uniques
INSTITUTION	Institut Français de Bioinformatique (IFB)
DATES	2015 - 2017
DIPLÔMES	Master 2 Pro BBSG Spécialité Bioinformatique et Génomique
DÉTAILS	Admis mention B (Détails sur LinkedIn)
INSTITUTION	Université d'Aix-Marseille
DATES	2014 - 2015
DIPLÔMES	Licence 3 Biochimie, Chimie Biopharmaceutique
DÉTAILS	Admis mention AB, spécialité Biochimie (Détails sur LinkedIn)
INSTITUTION	Université d'Aix-Marseille

Compétences

LANGUES PARLÉES	Français
AUTRE(S) LANGUE(S)	Anglais (TOIEC 960)

COMPÉTENCES BIO-INFORMATIQUES	Traitement de séquences : <i>Cytoscape, Muscle, Blast, Interpro, BioMart, SeqScape, Plink, Bedtools, Samtools, Bowtie2, DESeq2, RSEM, Bowtie...</i> Visualisation : <i>Rasmol, IGV, Seaview, ggplot2</i> Environnements : <i>Galaxy, Rstudio, Gitlab, Github</i> Programmation : <i>R, SnakeMake, Bash, Notions en Python et en MySQL</i> Analyse transcriptomique en cellules uniques : <i>scater, Seurat, singleCellExperiment</i>
--	--

COMPÉTENCES MATHÉMATIQUES	Méthodes statistiques : <i>tests statistiques classiques (test de Student, chi-square, etc...), réalisation d'une GWAS sur R, classification par dendrogramme, clustering, PCA, t-SNE</i>
--------------------------------------	---

COMPÉTENCES INFORMATIQUES	Suite office, Systèmes d'exploitation Windows, IOS et Linux
--------------------------------------	---

COMPÉTENCES EN BIOLOGIE MOLÉCULAIRE	Techniques de séquençage : <i>Sanger, ChIP-seq, Microarray, DNA-seq, Analyse de mutations par microsatellites</i> Techniques de biologie moléculaire et de biochimie : <i>PCR, électrophorèse</i>
--	--