



Chloé Aujoulat

Bioinformaticienne

Profil

Je recherche un poste permanent ou temporaire en analyse de données génomiques/transcriptomiques dans le secteur privé.

Github: <https://github.com/chloea31>
Tel: +33(0)631416178
Address: Toulouse, France
Email: chloe.aujoulat19@gmail.com

Compétences

Données génomiques Visualisation de données

Programmation (Python, R, Bash, Nextflow) Présentations orales

HPC (SLURM)

Conférences / Papiers

Jobim - Toulouse (2024) et Bordeaux (2025)

Review 2023 - Guide of mathematical modelling of metabolism: from the bench to the console and the way back.

Poster ISGSB Innsbruck 2022 - Graph theory as a driver for multi-omic mechanistic model construction applied to Tomato Glandular Trichomes.

Poster NWK Brandenburg 2022 - Diagnostics meets Genealogy: Evaluation of Sequence Variations in the Sheep Poodle Genome.

Langues

Français: Langue maternelle ; Anglais: Professionnel ; Allemand: Débutant

Loisirs

Natation ; Lecture ; Théâtre ; Peinture

Expériences

ERA-Bio-IT (Entreprise - GIE) | Juin 2024 - Nov 2025 - Bioinformaticienne
Construction et analyses du pangéome chez le maïs (Python, Bash, Nextflow, R). Utilisation de Minigraph, PGGB et Minigraph-Cactus pour construire des pan génomes. Analyses du pangéome: partitionnement du pangéome avec Panacus, appel de variants utilisant VG tools (VG deconstruct). Analyses statistiques (VG stats). Filtrage de variants (VCFtools). Participation à la création d'un projet de R&D project pour soumettre une proposition technique: suggestions d'un projet en lien avec la pangénomique et la modélisation. HPC SLURM.

RWTH Aachen (Université) | Août 2022 – Oct 2023 – Assistante de recherche (PhD)

Étude du génotype au phénotype sur les trichomes glandulaires chez la tomate en utilisant les modèles métaboliques (Python, pandas, plotly, scikit-learn, PyMC). Git. Graduate school HDS-LEE (RWTH Aachen et le centre de recherche à Jülich). Assistante d'enseignement pour la visualisation de données. Etablissement d'un système de notation mettant en avant toutes les compétences et valorisant les étudiants qui essaient de faire l'exercice, au lieu de la punition. Participation à la Nuit de la Science.

Hochschule Mittweida (Université) | Jan 2022 - Juil 2022 – Assistante de recherche (thèse de Master)

Détection et évaluation de variations de séquence chez le génome du caniche mouton (Python, Bash, pandas et plotly). Construction de pipelines utilisant FastQC, SAMtools, BCFtools, Clustal Omega, MUSCLE, Iq-tree, et VSEARCH. SNP-array in silico. Reconstruction phylogénétique. Manipulation de la base de données GEO, utilisation de données de séquençage Nanopore, et données d'une sonde SNP Illumina. Visualisation de la manipulation du séquençage Nanopore. Git. Analyses statistiques.

IPK Gatersleben (Centre de recherche) | Avr 2021 - Juil 2021 - Assistante de recherche (Master)

Modélisation métabolique utilisant la Flux Balance Analysis (Python, pandas, Conda, plotly). Cartographie de métabolites, réactions et gènes en utilisant différentes bases de données (NCBI, ENSEMBL, BiGG et ModelSEED). API. Git.

I.N.R.A. | 2019 – Assistante de recherche (thèse de Master)

Transformation de protoplastes de tomates, qRT-PCR, analyses statistiques avec R.

I.J.P.B. | 2018 – Technicienne de recherche (Master)

Analyses of séquences génétiques, extractions d'ADN & PCR sur *Arabidopsis thaliana*.

I.E.E.S. | 2017 – Technicienne de recherche (thèse de Licence)

Cultures *in vitro*, manipulation de NeuronJ, *Arabidopsis thaliana*, GWAS.

Projets en bioinformatique et génétique

C.R.C.L. (Lyon - Centre de Recherche) | Sept 2020 - Déc 2020

Création d'un pipeline automatisé pour les analyses de variants génétiques des ARNr: utilisation de GitLab, Conda, Nextflow, MultiQC, FastQC, Trimmomatic, Bowtie2, IGV. Programmation en Bash, Python, Nextflow. Analyses statistiques avec R.

L.B.B.E. (Lyon - Laboratoire public) | Jan 2021 - Avr 2021

Construction d'un pipeline pour détecter les transferts de gènes horizontaux entre les parasites et leurs hôtes avec Conda, Nextflow, BUSCO, Augustus, Mmseq et Bash.

L.B.B.E. (Lyon - Laboratoire public) | Sept 2021 - Déc 2021

Evolution génomique et transcriptomique du génome de *D. sukuzii* après une expérience de sélection: utilisation de GitHub, Conda, SAMtools, BCFtools, GATK, repeatmasker, repeatmodeler, TEcount.

Formation

Master en Bioinformatique moléculaire (Lyon1) | 2020 - 2022

Méthodes d'analyses de données génomiques, transcriptomiques et protéomiques – Programmation en Python, Bash et R – Visualisation de données – Bioinformatique structurale – Apprentissage automatique – Science des données – Construction de pipelines - Analyses statistiques avec R - Git - NGS

Master Biologie des plantes (Bordeaux1) | 2017 – 2019

Biologie et biotechnologie des plantes – NGS - Analyses statistiques avec R - Génétique, génomique et épigénétique des plantes

Licence en Biologie (Paris - Sorbonne) | 2013-2017

Biologie générale: biologie moléculaire – génétique – biochimie - analyses statistiques