

Romain KPAKOU

Ingénieur Bioinformaticien | NGS · Bioinformatique Structurale · Omiques · Machine Learning · Pipelines

kpakouromain@gmail.com | +33 7 53 44 36 53 | Orléans, France | github.com/romainkpakou | Disponible immédiatement

Ingénieur bioinformaticien diplômé Master 2 à Nantes Université (2026), avec un profil polyvalent couvrant l'ensemble de la chaîne bioinformatique : développement de pipelines NGS reproductibles, bioinformatique structurale, analyse de données omiques (génomique, transcriptomique, épigénomique, métabolomique), machine learning et analyse de réseaux biologiques. Deux pipelines Nextflow DSL2 complets publiés en code ouvert sur GitHub. À l'aise en Python, R, Bash, Docker et HPC/SLURM. Expérience en milieu académique (CNRS, Université d'Orléans), industriel (biotech) et hospitalier (Togo).

EXPÉRIENCES PROFESSIONNELLES

Bioinformaticien : Modélisation Structurale et Dynamique Moléculaire Mars – Sept. 2026
Stage M2 : ICOA (UMR 7311 CNRS), Université d'Orléans

- Analysé la régulation conformationnelle des LIM kinases par dynamique moléculaire (AMBER, CPPTRAJ) sur 16 systèmes jusqu'à 3 μ s.
- Modélisé des complexes protéiques avec AlphaFold-Multimer et cartographié les réseaux allostériques (SenseNet/SINAPS, Cytoscape).
- Développé un pipeline Python/Bash automatisé sous HPC/SLURM avec rapports automatisés et versioning Git.

Bioinformaticien : Classification de Séquences sans Alignement (SGT) Avr. – Juin 2025
Stage M1 : AFFILOGIC, Nantes (biotech, ingénierie des protéines)

- Développé une application Python/Streamlit pour l'analyse et la classification de Nanofitines (ligands d'affinité) sans alignement préalable, à destination des équipes biologistes.
- Implémenté un pipeline de vectorisation par graphe de séquence (SGT), réduction dimensionnelle (PCA, t-SNE) et visualisations interactives 2D/3D (Plotly).
- Intégré le filtrage biologique des séquences et la génération de logos (Logomaker) pour identifier les positions conservées et variables.

Technicien de Laboratoire : Biologie Moléculaire Clinique Sept. – Nov. 2021
Laboratoire CHP-Notse, Togo (laboratoire hospitalier accrédité)

- PCR diagnostique, ELISA, cultures bactériennes, antibiogrammes en environnement hospitalier accrédité.

COMPÉTENCES TECHNIQUES

Pipelines NGS

Nextflow DSL2 (avancé, 2 pipelines publiés) · Snakemake (notions) · GATK Best Practices · BWA-MEM2 · SAMtools · Picard · SnpEff · Mutect2 · FACETS · SigProfiler · FastQC · fastp

Transcriptomique & Single-cell

RNA-seq (STAR, DESeq2, edgeR) · scRNA-seq (Seurat, Scanpy, Monocle3) · Transcriptomique spatiale (Visium) · ChIP-seq · ATAC-seq · Hi-C (notions) · Métabolomique LC-MS/MS · TCGA · GEO

Bioinformatique Structurale

AlphaFold-Multimer · AMBER/CPPTAJ · Cytoscape · SenseNet/SINAPS · NetworkX · igraph · PyMOL · VMD

Machine Learning

PyTorch · TensorFlow/Keras · scikit-learn · CNN · clustering (HDBSCAN, k-means) · PCA · t-SNE · UMAP

Programmation

Python (avancé : Pandas, NumPy, Biopython, Streamlit) · R (avancé : tidyverse, ggplot2, Bioconductor, R Markdown) · Bash/Shell · SQL · Git/GitHub

Infrastructure & Qualité

Docker · Singularity · HPC/SLURM · Conda · Linux/Unix · Rapports HTML/PDF automatisés · SOP · ISO 15189 (notions)

FORMATION & PROJETS OPEN SOURCE

Master Bioinformatique, Biostatistique

& Biologie Computationnelle : Nantes Université, 2024-2026

Licence Biologie Cellulaire & Moléculaire

Nantes Université, 2022-2024

Licence Professionnelle Analyse Biomédicale

Université de Lomé, Togo, 2019-2022

Pipeline WGS Nextflow DSL2

16 modules · BWA-MEM2 · GATK · PLINK2 · ADMIXTURE · Docker · HPC
github.com/romainkpakou/honeybee-gwas-pipeline

Pipeline scRNA-seq Nextflow DSL2

7 modules · 10X Genomics · Seurat · clustering UMAP · annotation cellulaire · trajectoires Slingshot · rapport HTML dynamique
github.com/romainkpakou/scrnaseq_pipeline

Langues

Français (langue maternelle) · Anglais (B2-C1, rédaction scientifique)