



✉ monsefidrissi@gmail.com
🏠 TIFLET , Morocco
📅 Né le 18/10/2002
🇲🇦 Marocain
☎ +212 652 343038

Langues

Arabe
Langue natale

Français
Bilingue

Anglais
Compétences professionnelles

Centres d'intérêt

natation

Football

Gaming

Réseaux sociaux

in @Idrissi Monssef
🐙
<https://github.com/monssef1234>

Idrissi Monssef

Ingénieur en bioinformatique

Ingénieur en Bio-informatique, spécialisé en biologie computationnelle et en analyse des séquences biologiques, je maîtrise les algorithmes d'alignement et d'assemblage ainsi que les langages Python, R et Linux. J'ai réalisé mon projet de fin d'études (PFE) à l'IRCAN de Nice et l'ai soutenu à L' UM6SS en juillet, avec une mention Très Bien. Actuellement à la recherche d'une thèse ou CDD , je souhaite appliquer et approfondir mes compétences en bioinformatique

Diplômes et Formations

- **Cycle d'ingenieurie**
De septembre 2022 à septembre 2025
[université Mohamed VI des sciences et de la sante](#) Casablanca, Morocco
cycle d'ingénieur en Bio-informatique
1er annee, mention bien
2eme annee, mention bien
3eme annee, mention bien
- **Classes Préparatoire (CPGE)**
De 2020 à 2022 [Selmane Al-Farissi](#) Sale , Morocco
Option MPSI (mathématiques , physique-chimie , sciences industrielles)
- **Baccalaureat**
De 2019 à 2020 [lycee abdelkrim khattabi](#) Tiflet, Morocco
Option sciences mathématiques , mention très bien

Expériences professionnelles

- **Stage (PFE)**
De février 2025 à juillet 2025 [IRCAN](#) NICE
Ce stage explore les séquences NTAR (N-terminal Alanine-Rich), une famille de protéines peu étudiée impliquée dans la régulation de la traduction. L'objectif est de délimiter leur famille, d'identifier des motifs récurrents, d'effectuer des analyses phylogénétiques et de détecter des sous-familles. Des approches bioinformatiques seront utilisées, incluant l'analyse de séquences protéiques, la détection de motifs, le clustering et l'exploitation de bases de données publiques.
- **Stage**
De juillet 2024 à août 2024 [Centre Mohamed VI de recherche et d'innovation, CM6](#) Rabat
L'élaboration d'un pipeline bio-informatique complet pour l'analyse de la méthylation, permettant ainsi la visualisation des différents profils de méthylation à l'aide de SeqMonk, ainsi que l'analyse des variants génétiques sur des échantillons humains.
- **Stage d'observation**
Août 2023 [Hôpital universitaire Mohamed VI](#) Casablanca
- **TIPE (travaux d'initiative personnelle encadrés)**
D'octobre 2021 à juillet 2022 [cpge Selmane Al-Farissi](#) Sale , Morocco
La protonthérapie laser : L'utilisation de lasers de très forte puissance pour générer des protons dits cliniques pourrait conduire à des installations moins contraignantes et moins coûteuses, permettant ainsi de démocratiser ce type de traitement.

Compétences

Linux

Création de scripts Bash pour automatiser des pipelines bioinformatiques. Bonne maîtrise de l'environnement Unix/Linux.

Intelligence artificielle

Solide compréhension des principes de l'IA et du machine learning : apprentissage supervisé, non supervisé, traitement de données complexes, modélisation, optimisation.
Applications concrètes en bioinformatique : prédiction de la methylation et des sequences promotrices, classification, clustering , réduction de dimension (PCA, UMAP).

Python

Maîtrise de Python , avec une maîtrise particulière dans le contexte de la bioinformatique. Compétences avancées en programmation orientée objet et en création d'interfaces utilisateur.

Langage R

Analyse statistique et visualisation de données omiques (ggplot2, tidyverse), scripting pour bioinformatique.

SQL / MySQL

Gestion de bases de données biologiques, requêtage, nettoyage de jeux de données massifs.

Outils bio-informatique

Transcriptomique

Traitement et visualisation de données d'**ARNm** : contrôle qualité, alignement, quantification et analyse différentielle à l'aide d'outils standards

UniProt / Ensembl / NCBI

Extraction automatisée de données par API REST, annotation génomique et protéique.

Génomique structurale et comparative

Étude des variations génétiques à grande échelle via des graphes de pangenomes ou alignements multi-souches

Nextflow / Snakemake

Création de workflows reproductibles pour le traitement de données génomiques.

BLAST / Bismark / SeqMonk

Alignement de séquences, analyse de la méthylation de l'ADN, visualisation de profils épigénétiques.

SwissDock / Swiss-Model / Modeller

Docking ligand-protéine, modélisation de structures protéiques 3D.