

Johan Rollin

Bioinformaticien avec plus de 10 ans d'expérience en analyse de données biologiques, spécialisé en génomique, développement de workflows accessibles aux non-spécialistes et résolution de problèmes biologiques complexes.

✉ johan.rollin@outlook.fr 📞 +33 6 17 55 74 80 📍 Im Erlenhain 51, 79288 Gottenheim, Allemagne 📅 05/09/1993



COMPÉTENCES

PROGRAMMATION

Python R Bash SQL Java

HTML5 / CSS PHP JavaScript

SAVOIR-FAIRE

Interprétation biologique

Résolution de problèmes

Collaboration Formation

Gestion des données

OUTILS & DEVOPS

Git Subversion Conda Docker

HPC / SLURM Snakemake

CONNAISSANCES

BASES DE DONNÉES

EMBL-EBI SRA GenBank RefSeq

JASPAR CARD KEGG CATH GO

ICTV

DOMAINES D'APPLICATION

Génomique bactérienne

Détection de virus Métagénomique

Santé humaine

PLATEFORMES

Geneious Galaxy

LOGICIELS & PIPELINES

Spades Blast Kraken HMMER

Seurat Scenic+ Samtools

AntiSMASH MacsFinder

IntegronFinder VirHunter

LANGUES

Français NATIF

Anglais COURANT

Allemand NOTIONS

Espagnol NOTIONS

EXPÉRIENCE PROFESSIONNELLE

CHU de Freiburg — Allemagne

Mars 2023 - Aujourd'hui

Chercheur Post-Doctoral

- Analyse de séquençage single-cell (RNA & ATAC) pour l'étude de la lignée cellulaire lors de la croissance embryonnaire de l'hippocampe.
- Accompagnement des doctorants dans leurs workflows bioinformatiques et l'interprétation de leurs données.

DNAVision — Université de Liège — Gembloux, Belgique

Oct. 2019 - Fév. 2023

Doctorant

- Développement et validation d'outils HTS innovants pour la détection rapide et efficace de virus dans les cultures sélectionnées.
- Conception d'outils de détection de contaminations croisées dans les données métagénomiques.
- Formation de jeunes chercheurs en analyse bioinformatique et enseignement à des étudiants en master.

CEA — Commissariat à l'Énergie Atomique — Évry, France

Fév. 2016 - Sep. 2019

Ingénieur d'étude

- Développement et maintenance d'outils sur la plateforme MicroScope (annotation et analyse génomique microbienne) en environnement HPC/SLURM.
- Analyses de génomique comparées pour un projet industriel portant sur des micro-organismes pour une agriculture durable.

PUBLICATIONS SÉLECTIONNÉES

- Adding layers of information to scRNA-seq data using pre-trained language models *BioRxiv* · 2026 — doi:10.1101/2025.08.23.671699
- A Virome Scanning of Saffron (*Crocus sativus* L.) at the National Scale in Iran Using High-Throughput Sequencing Technologies. *Viruses* · 2025 — doi:10.3390/v17081079
- Cont-ID: detection of sample cross-contamination in viral metagenomic data. *BMC Biology* · 2023 — doi:10.1186/s12915-023-01708-w
- Validation of High-Throughput Sequencing as Virus Indexing Test for Musa Germplasm: Performance Criteria Evaluation and Contamination Monitoring Using an Alien Control. *PhytoFrontiers* · 2023 — doi:10.1094/PHYTOFR-03-22-0030-FI
- Managing the deluge of newly discovered plant viruses and viroids: an optimized scientific and regulatory framework for their characterization and risk analysis. *Frontiers in Microbiology* · 2023 — doi:10.3389/fmicb.2023.1181562
- Guidelines for the reliable use of high throughput sequencing technologies to detect plant pathogens and pests. *Peer Community Journal* · 2022 — doi:10.24072/pcjournal.181
- MicroScope: an integrated platform for the annotation and exploration of microbial gene functions through genomic, pangenomic and metabolic comparative analysis. *Nucleic Acids Research* · 2019 — doi:10.1093/nar/gkz926

Liste complète disponible sur demande ou via ORCID.

FORMATION

Doctorat · Virologie & Bioinformatique

Université de Liège, Belgique
2023

Master · Bioinformatique

Université Aix-Marseille, France
2016

Licence · Biologie

Université de Nîmes, France
2014