

Partie I – Contributions à la recherche et développement

d. Contributions sans comité de lecture

1. **Alie, R.**, Froda, S., et Larribe, F. (2018) Construction of Coalescent Trees on Partially Fixed Pedigrees. New Statistical Methods for Family-Based Sequencing Studies. (Présentation orale sur invitation dans le cadre d’une conférence internationale ; Travaux de maîtrise).
2. **Alie, R.**, Froda, S., et Larribe, F. (2018) Extending the Coalescent to Include Pedigree Data. Annual Meeting of the Statistical Society of Canada. (Présentation orale dans le cadre d’une conférence internationale ; Travaux de maîtrise).
3. **Alie, R.** (2017) Régression de Poisson et Applications à l’Analyse de Discours. Séminaire Étudiant en Probabilités et Statistique. (Présentation orale dans le cadre d’une conférence à l’Université du Québec à Montréal ; Travaux de consultation statistique).
4. **Alie, R.** (2017) Introduction aux Réseaux Bayésiens. Séminaire Étudiant en Probabilités et Statistique. (Présentation orale dans le cadre d’une conférence à l’Université du Québec à Montréal).
5. **Alie, R.** (2017) Graphes, Hérité et Génétique. Séminaires Universitaires en Mathématiques à Montréal. (Présentation orale dans le cadre d’une conférence régionale ; Travaux de stage de recherche).

Partie II – Principales contributions à la recherche et développement

1. Construction of Coalescent Trees on Partially Fixed Pedigrees

Cette recherche explore le lien entre le «pedigree de la population» (l’ensemble des relations familiales, [2]) et les arbres de coalescence : l’histoire ancienne d’un ensemble de gènes. Tel qu’étudié dans [2], conditionnellement aux relations familiales, l’ensemble des historiques possibles pour notre échantillon est contraint. Il est impossible de connaître le pedigree de la population de manière exacte, mais nous présentons une nouvelle méthodologie d’inférence qui utilise les relations familiales connues parmi les membres de l’échantillon. Présentée dans le cadre d’un congrès de statistique génétique à Banff devant un public de spécialistes du domaine, la conférence a été très bien reçue pour l’originalité et le potentiel de la méthode. J’ai composé et présenté les diapositives qui portent sur mes travaux de recherche sous la direction de Sorana Froda et Fabrice Larribe.

2. Extending the Coalescent to Include Pedigree Data

L’objectif de cette présentation était de montrer comment il est possible de construire des arbres de coalescence sur des pedigrees de familles. Ainsi, la propagation de gènes dans une famille est traitée comme un réseau bayésien : un modèle graphique où les individus sont liés lorsqu’ils ont une relation parent-enfant. Nous faisons la démonstration que les arbres de coalescence peuvent être reconstruits en faisant l’inférence sur ce que [1] appellent des variables-sélecteur représentant les méioses. Ce travail a été présenté à l’université McGill dans le cadre du congrès annuel de la SSC. J’ai composé et présenté les diapositives qui portent sur mes travaux de recherche sous la direction de Sorana Froda et Fabrice Larribe.

3. Régression de Poisson et Applications à l'Analyse de Discours

Ce travail porte sur la transcription de discours livrés par Marine Le Pen à l'automne 2015. Nous voulions évaluer statistiquement l'effet de plusieurs variables sur le degré de racisme dans le discours. À partir d'une banque de mots jugés péjoratifs, nous avons déterminé si le taux auquel la présidente du Front National employait ce lexique était significativement différent selon le contexte (lieu, média, etc.). Cette présentation a été livrée devant mes collègues étudiants du département de mathématiques de l'Université du Québec à Montréal pour leur montrer une application intéressante des modèles linéaires généralisés. La méthodologie, résultante de travaux de consultation, a été incorporée dans le mémoire de sciences politiques de Samuel Jeanson à l'UQAM et nous a valu les compliments d'un des juges pour son adéquation à la problématique.

Partie III – Déclaration du candidat

Expérience en recherche

Lors de mon baccalauréat, j'ai eu la chance de faire deux stages de recherche financés par les bourses de recherche de premier cycle du CRSNG sous la direction de Sorana Froda (en co-direction avec Fabrice Larribe) à l'UQAM. Durant ces stages, j'ai découvert la statistique génétique et fait une revue approfondie de la littérature. Durant mon deuxième été de stage, j'ai lu des articles faisant le lien entre l'analyse de pedigrees en génétique et les modèles graphiques et cela m'a grandement aidé à m'orienter pour la maîtrise. D'autres compétences techniques ont été développées grâce à ces stages, notamment la programmation C++ et le dessin vectoriel avec TikZ dans LaTeX.

Depuis mon passage à la maîtrise en statistique, je me suis investi beaucoup plus dans des activités de recherche. J'ai assisté à plusieurs conférences en lien avec la statistique génétique, notamment une semaine d'ateliers à la Station Internationale de Recherche de Banff (BIRS) à l'été 2018 organisés par le groupe de recherche CANSSI. Ces activités ont été très bénéfiques car elles m'ont permis de me familiariser avec les différentes problématiques et approches du domaine. De plus, elles m'ont donné l'occasion de faire connaissance avec les membres de cette communauté scientifique.

Activités pertinentes

J'ai été auxiliaire d'enseignement à l'UQAM un total de dix fois pour cinq cours distincts. Grâce à cela, mes capacités de communication se sont grandement épanouies et je valorise beaucoup plus l'aspect pédagogique des mathématiques aujourd'hui. J'ai également beaucoup d'expérience en tant que tuteur de mathématiques du secondaire jusqu'à l'université et je fais de la consultation statistique à l'occasion.

Depuis que je suis entré au baccalauréat, je suis très impliqué dans les activités du département de mathématiques de l'UQAM. J'ai siégé deux ans sur le comité de programme de premier cycle et je fais partie de celui de maîtrise depuis un an. De plus, j'ai été bénévole au congrès R à Montréal présenté à l'UQAM, j'ai deux fois représenté le département aux journées portes ouvertes et j'ai aidé à organiser d'autres événements, entre autres des rencontres d'accueil et d'orientation pour les étudiants de statistique.

- [1] Allen, D., & Darwiche, A. (2008). RC_Link : Genetic linkage analysis using Bayesian networks. *International journal of approximate reasoning*, 48(2) : 499–525.
- [2] Wakeley, J., King, L., Low, B. S., & Ramachandran, S. (2012). Gene genealogies within a fixed pedigree, and the robustness of Kingman's coalescent. *Genetics*, 190(1) : 1433-1445.