

Louis RAYNAL

✉ louisraynal.github.io [in linkedin.com/in/LouisRaynal](https://in.linkedin.com/in/LouisRaynal) github.com/LouisRaynal
@ louis.raynal.pritchard@gmail.com ☎ 06.16.50.31.65
📍 La Roche-sur-Yon, France 🗓 27 ans



Docteur Statisticien | Chercheur | Analyste de Données

Un jeune docteur, statisticien et chercheur souhaitant mettre à profit ses compétences au sein d'une équipe interdisciplinaire, pour mener à bien des projets appliqués dans un cadre stimulant. Aime programmer, comprendre et résoudre des problèmes, se positionner en appui technique pour ses collègues tout en acquérant de nouvelles connaissances.

COMPÉTENCES

Science des données	Machine learning : méthodes supervisées (classification, régression) et non-supervisées Statistique : visualisation de données, modélisation, inférence Méthodes bayésiennes : inférence par simulation, modèles sans vraisemblance, STAN
Programmation	Python (Jupyter, Scikit-Learn, Keras, TensorFlow), R avec optimisation C++ (Rcpp), conception de packages et leur maintien, versioning avec Git (Hub), compréhension de codes existants, calcul parallèle sur clusters de calculs intensifs (Slurm/Torque)
Recherche	Veille technologique et scientifique : lecture d'articles, participation à des séminaires, groupes de travail, conférences nationales et internationales Ingénierie statistique : conception de modèles et de méthodes d'inférence, évaluation et comparaison avec des stratégies existantes, implémentation et maintien de packages
Interdisciplinarité	Collaboration avec des généticiens (Centre de Biologie pour la Gestion des Populations), applications en génétique des populations, épidémiologie et science des réseaux
Communication	Présentation en français et anglais dans des séminaires, conférences nationales et internationales, séjour invité pour discuter de perspectives de recherche et futures collaborations
Rédaction	Écriture d'articles scientifiques (\LaTeX), critique pour journaux scientifiques
Enseignement	Encadrement à l'université de cours et TD de statistique, TP de R pour publics biologistes, contrôles de connaissances, écoute et suivi des étudiants
Compléments	SQL, OpenRefine, SAS, MATLAB, traitement de texte, présentation et tableur, HTML, CSS

EXPÉRIENCE

Avril 2021 à aujourd'hui	Consultant en recherche statistique SAFEGUARD GLOBAL FRANCE CONSULTING SOLUTIONS , auprès de la Harvard T.H. School of Public Health <ul style="list-style-type: none">➢ Développement de nouveaux modèles statistiques pour données de réseaux➢ Conseils sur les méthodes d'inférence➢ Modélisation des problèmes de sélection de variables pour les modèles de réseaux mécanistes➢ Création d'un package Python contenant les nouvelles méthodologies➢ Application en épidémiologie pour comprendre les mécanismes de propagation du VIH
Octobre 2019 à mars 2021	Chercheur postdoctoral en statistique HARVARD T.H. SCHOOL OF PUBLIC HEALTH , Boston, États-Unis <ul style="list-style-type: none">➢ Développement de méthodes d'inférence pour données de réseaux de grande dimension➢ Étude et développement de stratégies de sélection de variables basées sur leurs coûts➢ Implémentation des méthodologies dans le package Python cost_based_selection➢ Rédaction d'articles scientifiques publiés (Bayesian Analysis) ou soumis➢ Présentation dans des séminaires et conférences internationales➢ Conseils auprès d'autres chercheurs, collaborations

Septembre 2016
à septembre 2019

Doctorant en biostatistique

INSTITUT MONTELLIÉRAIN ALEXANDER GROTHENDIECK (IMAG), Montpellier, France

- > Développement de méthodes d'inférence bayésienne par forêts aléatoires
- > Élaboration d'algorithmes de forêts aléatoires locales
- > Collaboration avec des généticiens (Centre de Biologie pour la Gestion des Populations)
- > Conception de stratégies de classification par groupement d'événements évolutifs
- > Développement et maintien du package **abcrf** en R
- > Optimisation de ce package pour répondre aux attentes et besoins des utilisateurs
- > Publication d'articles scientifiques (Bioinformatics, journal de la SFdS, Molecular Ecology)
- > Présentation dans des séminaires, conférences nationales et internationales
- > Missions d'enseignement des statistiques et du langage R

FORMATION

- 2016 – 2019 **Doctorat en biostatistique**, IMAG, Université de Montpellier, supervisé par Jean-Michel MARIN
Manuscrit de thèse : Inférence statistique bayésienne pour les modélisations donnant lieu à un calcul de vraisemblance impossible
- 2014 – 2016 **Master en biostatistique**, Université de Montpellier
Stage Master 2 : Développement d'une méthode statistique pour l'estimation de paramètres pour des modèles à vraisemblance incalculable
Stage Master 1 : Utilisation de méthodes d'apprentissage machine et ABC pour prédire des paramètres démographiques en génétique des populations
Projet Master 1 : Lasso et lasso bayésien
- 2011 – 2014 **Licence en mathématiques-informatique**, spécialité mathématiques, Université de Perpignan
2011 **Baccalauréat scientifique**, spécialité mathématiques, Lycée Jean-Lurçat, Perpignan

LANGUES

Français ● ● ● ● ●
Anglais ● ● ● ● ○

FORCES

- > Persévérance et minutie
- > Autonomie, organisation et calme
- > Travail d'équipe dans le respect de chacun

CENTRES D'INTÉRÊT

Crochet (dont en association) • Soins des plantes • Cuisine et pâtisserie • Lecture • Jeux (vidéo, de société) • Cinéma • Animation

RÉFÉRENCES

Jean-Michel MARIN

Professeur en statistique,
IMAG, UNIVERSITÉ DE MONTPELLIER
MONTPELLIER, FRANCE
@ jean-michel.marin@umontpellier.fr

Jukka-Pekka "JP" ONNELA

Professor en biostatistique,
HARVARD T.H. CHAN SCHOOL OF PUBLIC HEALTH
BOSTON, ÉTATS-UNIS
@ onnela@hsph.harvard.edu