

# Louis RAYNAL

✉ [louis.raynal.pritchard@gmail.com](mailto:louis.raynal.pritchard@gmail.com) [in linkedin.com/in/LouisRaynal](https://www.linkedin.com/in/LouisRaynal) [github.com/LouisRaynal](https://github.com/LouisRaynal)  
📞 06.16.50.31.65  
📍 10 rue Charles Laterrade, 33400 Talence, France **i** 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	<b>Machine learning</b> : méthodes supervisées (classification, régression) et non-supervisées <b>Statistique</b> : visualisation de données, modélisation, inférence <b>Méthodes bayésiennes</b> : inférence par simulation, modèles sans vraisemblance, STAN
Programmation	<b>Python</b> (Jupyter, Scikit-Learn, Keras, TensorFlow), <b>R</b> avec optimisation C++ (Rcpp), <b>conception de packages</b> et leur maintien, versioning avec <b>Git</b> (Hub), compréhension de codes existants, <b>calcul parallèle</b> sur clusters de calculs intensifs (Slurm/Torque)
Recherche	<b>Veille technologique et scientifique</b> : lecture d'articles, participation à des séminaires, groupes de travail, conférences nationales et internationales <b>Ingénierie statistique</b> : conception de modèles et de méthodes d'inférence, évaluation et comparaison avec des stratégies existantes, implémentation et maintien de packages
Interdisciplinarité	<b>Collaboration</b> avec des généticiens, applications en épidémiologie et science des réseaux
Communication	<b>Présentation</b> en français et <b>anglais</b> dans des séminaires, conférences nationales et internationales, séjour invité pour discuter de perspectives de recherche et futures collaborations
Rédaction	<b>Écriture d'articles</b> scientifiques ( $\text{\LaTeX}$ ), <b>critique</b> pour journaux scientifiques
Enseignement	<b>Encadrement</b> à l'université de cours et TD de statistique, TP de R pour publics biologistes, contrôles de connaissances, <b>écoute et suivi</b> des étudiants
Compléments	SQL, MATLAB, traitement de texte, présentation et tableur, HTML, CSS

### EXPÉRIENCE

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

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