

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
📍 Talence, 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, 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