## Louis RAYNAL

☑ louisraynal.github.io in linkedin.com/in/LouisRaynal ♀ github.com/LouisRaynal ❷ louis.raynal.pritchard@gmail.com ♀ La Roche-sur-Yon, France i 28 ans



# Docteur Statisticien | Chercheur | Analyste de Données

## **COMPÉTENCES**

		7 i I	. /	/ 1 • • • • •	/	/
Science des données	Machine learning	· methodes sui	nervisees i	iclassification.	regression	et non-supervisées
ociciice aco aoiiiiceo	machine tearning	• 11100100000000	per visces i	(Classification,	10510331011	ct non supervisces

Statistique: visualisation de données, modélisation, inférence

Méthodes bayésiennes: inférence par simulation, modèles sans vraisemblance, STAN

Business Intelligence Requête de bases de données en SQL (Oracle, Transact-SQL),

communication de données via la conception de rapports d'activité (Business Objects) ou

de tableaux de bord (PowerBI)

**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 praticiens de santé (CHD Vendée), 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 interna-

tionales, séjour invité pour discuter de perspectives de recherche et futures collaborations

**Rédaction Écriture d'articles** scientifiques (ŁTFX), **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 OpenRefine, SAS, MATLAB, traitement de texte, présentation et tableur, HTML, CSS



### Janvier 2022 à aujourd'hui

#### Statisticien

Service d'Information Médicale, CHD Vendée, La Roche-sur-Yon, France

- > Interrogation de bases de données en réponse à des demandes d'informations
- > Rédaction de rapports d'activité
- > Conception de tableaux de bord
- > Utilisation de méthodes d'apprentissage dans le milieu de l'information médicale

#### Avril 2021 à décembre 2021

#### Consultant en recherche statistique

SAFEGUARD GLOBAL FRANCE CONSULTING SOLUTIONS, auprès de la Harvard School of Public Health

- > 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 SCHOOL OF PUBLIC HEALTH, Boston, États-Unis

- > 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 MONTPELLIÉRAIN 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'évènements 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

Licence en mathématiques-informatique, spécialité mathématiques, Université de Perpignan 2011 - 2014

Baccalauréat scientifique, spécialité mathématiques, Lycée Jean-Lurçat, Perpignan 2011





## FORCES





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



## CENTRES D'INTÉRÊT

Crochet • Soins des plantes • Cuisine et pâtisserie • Lecture • Jeux de société et vidéo • Cinéma • Animation



# SS RÉFÉRENCES

#### Jean-Michel MARIN

Professeur en statistique, IMAG, Université de Montpellier MONTPELLIER, FRANCE

@ jean-michel.marin@umontpellier.fr

#### Jukka-Pekka "JP" Onnela

Professeur en biostatistique, HARVARD T.H. CHAN SCHOOL OF PUBLIC HEALTH Boston, États-Unis

@ onnela@hsph.harvard.edu