

Curriculum Vitae

Charles-Elie Rabier

ce.rabier@gmail.com

<http://www7.inra.fr/mia/T/cerabier/>

Etat civil

Situation professionnelle

Post Doctorant dans l'unité de Mathématiques
et Informatique Appliquées de Toulouse (MIAT)

MIAT

Toulouse INRA-Auzeville

BP 52627 31326 CASTANET TOLOSAN

FRANCE

<http://www7.inra.fr/mia/T/cerabier/>

Situation personnelle

Né le 15/09/1982

Célibataire

Formation

- 11/2013-*** Post Doctorat dans l'unité de Mathématiques et Informatique Appliquées (MIAT) de l'INRA de Toulouse sous la direction de Brigitte Mangin, Directrice de Recherches. Recherche portant sur la sélection génomique et la statistique en grande dimension.
- 2010-2013** Post Doctorat au département de Statistiques de l'université de Wisconsin-Madison (USA) sous la direction de Cécile Ané, "Associate Professor". Recherche portant sur la "reconciliation d'arbres d'espèces et de gènes" et sur "les duplications entières du génome" (phylogénie et arbres aléatoires).
- 2006-2010** Thèse de doctorat de l'université de Toulouse, délivrée par l'université Paul Sabatier et soutenue le 16 juin 2010.

Titre : Techniques statistiques pour la détection de gènes à effets quantitatifs

Ecole doctorale : Mathématiques, Informatique et Télécommunications de Toulouse

Spécialité : Mathématiques-Statistiques

Direction : Jean-Marc Azaïs et Jean-Michel Elsen

Laboratoires d'accueil : Institut de Mathématiques de Toulouse (Université Paul Sabatier) et Station d'Amélioration Génétique des Animaux (INRA Auzeville)

Composition du jury :

- Jean-Marc Azaïs, Professeur à l'Université Paul Sabatier, directeur de thèse
- Laurent Bordes, Professeur à l'Université de Pau et des Pays de l'Adour, président et rapporteur
- Céline Delmas, Chargée de Recherche à l'INRA d'Auzeville, examinatrice
- Jean-Michel Elsen, Directeur de Recherche à l'INRA d'Auzeville, co-directeur de thèse
- Laurence Moreau, Chargée de Recherche à l'INRA Le Moulon, examinatrice
- Bernard Prum, Professeur à l'Université d'Evry, rapporteur

2005-2006 Master 2 Recherche Mathématiques Appliquées, option "Probabilités et Statistiques", Mention Assez Bien, Université Paul Sabatier

2004-2005 Semestre d'automne à l'Université de Montréal (Canada). Cours de niveau Master en mathématiques appliquées.

2002-2005 Ingénieur de l'Institut National des Sciences Appliquées (INSA) de Toulouse
Spécialité : Génie Mathématique et Modélisation, option "Méthodes et Modèles Statistiques"

2000-2002	DEUG MIAS, Université de Poitiers, Mention Bien
2000	Baccalauréat scientifique option Mathématiques, Mention Bien

Expériences Professionnelles

2014-2015	Collaboration avec Philippe Barre (INRA Lusignan), Gilles Charmet (UMR GDEC Clermont-Ferrand), Muriel Tavaud, Jacques David (Montpellier SupAgro) dans le cadre de recherches en sélection génomique.
2014	Encadrement d'un projet INSA 4ème année, en collaboration avec Céline Delmas. Projet portant sur les processus empiriques pour la détection de gènes.
2011-2013	Collaboration avec Bill Taylor, chercheur en informatique, responsable de la technologie HTCondor à l'université de Wisconsin-Madison, afin de permettre l'analyse de milliers de familles de gènes grâce à l'accès à un très grand nombre de processeurs sur l'ensemble du continent Américain.
2012-2013(6 mois)	Encadrement de Tram Ta, "graduate student" au département de statistiques de l'université de Wisconsin-Madison. Travail portant sur la "Détection de duplication entières du génome en utilisant uniquement la taille des familles de gènes".
2009-2010	1/2 ATER à l'INSA de Toulouse
2008	Vacations en IUP (niveau M1) Statistique et Informatique décisionnelle (SID). TD et TP de séries chronologiques.
2006 (5 mois)	Stage de Master 2 à la "Station d'Amélioration Génétique des Animaux", INRA Auzeville. Stage supervisé par Céline Delmas, Jean-Michel Elsen et Jean-Marc Azaïs. "Tests par permutations pour des expériences en selective genotyping".
2005 (5 mois)	Stage de fin d'étude INSA à l'"Unité de Biométrie et d'Intelligence Artificielle", INRA Auzeville. Stage supervisé par Régis Sabbadin, Chargé de Recherche INRA. "Modélisation d'un problème de gestion de réserves naturelles à l'aide des processus décisionnels de Markov et de l'apprentissage par renforcement : protection d'espèces animales dans une forêt Costa Ricaine menacée de défrichement".
Eté 2004	Stage Ingénieur 4ème année à l'Université Collège Dublin (Irlande). Conseiller statisticien sous la direction de John Connolly, Directeur du Département de Statistiques. Travail d'équipe au sein de la Summer Statistics Support Unit (SSSU) : Service offert par l'Université aux chercheurs de l'Université et aux entreprises. Utilisation régulière de SAS et de l'ensemble des logiciels de statistiques (SPSS, Splus ...).
Eté 2003	Stage Ingénieur 3ème année au sein du Laboratoire de Métallurgie-Physique de l'Université de Poitiers, CNRS UMR 6630. "Etude de la délamination d'un matériau revêtu" sous la tutelle de Jérôme Colin, Maître de Conférence. Utilisation du logiciel d'éléments finis CASTEM 2000.

Compétences

Langues	Anglais courant, Allemand scolaire
Informatique	Matlab, R, SAS, Macro Sas, Splus, SPSS, SQL, C, C++, Java, Fortran 90 Maple, Ada 95, Turbo Pascal, CASTEM 2000, Python, Condor, Bucky/Spimap/SpimapWGD (Phylogénie)

Publications acceptées

- R Sabbadin, D Spring, C-E Rabier. "Dynamic reserve site selection under contagion risk of deforestation". Ecological Modelling, Vol 201(1), 2007, p75-81.
- "Likelihood Ratio Test process for Quantitative Trait Locus detection", avec J-M Azaïs et C.Delmas, Statistics, 2012, DOI :10.1080/02331888.2012.760093.
- C-E Rabier, A Genz. "The supremum of Chi-Square processes", Methodology and Computing in Applied Probability, 2013, DOI :10.1007/s11009-013-9331-1.
- C-E Rabier. "On Quantitative Trait Locus mapping with an interference phenomenon", TEST, 2013, DOI :10.1007/s11749-013-0349-z.
- C-E Rabier. "On statistical inference for Selective Genotyping", Journal of Statistical Planning and Inference, Vol 147, 2014, p24-52.
- C-E Rabier, T Ta, C Ané. "Detecting and Locating Whole Genome Duplications on a phylogeny : a probabilistic approach", Molecular Biology and Evolution, 2014, DOI :10.1093/molbev/mst263.
- C-E Rabier. "An asymptotic test for Quantitative Trait Locus detection in presence of missing genotypes", Annales de la Faculté des Sciences de Toulouse, Sér 6, Vol 23(4), 2014, p755-778.
- C-E Rabier. "On the asymptotic robustness of the Likelihood Ratio Test in Quantitative Trait Locus detection", Electronic Journal of Statistics, Vol 8(2), 2014, p2138-2157.
- C-E Rabier. "On empirical processes for Quantitative Trait Locus mapping under the presence of a selective genotyping and an interference phenomenon", Journal of Statistical Planning and Inference, Vol 153, 2014, p42-55.
- C-E Rabier. "On stochastic processes for Quantitative Trait Locus mapping under selective genotyping", Statistics, Vol 49(1), 2015, p19-34.

Publications en révision

- C-E Rabier, P Barre, T Asp, G Charmet, B Mangin. "On the accuracy of genomic selection", en révision pour Plos One.

Publications soumises ou en préparation

- C-E Rabier, J-M Azaïs, J-M Elsen, C Delmas. "Chi square processes for gene mapping in a population with family structure", soumise.
- C-E Rabier, C Delmas. "On gene mapping with the mixture model", en préparation.

Logiciels

- IMAPPING (Rabier) : logiciel MATLAB avec interface graphique, permettant le calcul des valeurs critiques en détection de Quantitative Trait Locus. La méthode implémentée est décrite

dans l'article "Likelihood Ratio Test Process for Quantitative Trait Locus Detection" (Azaïs, Delmas, Rabier, Statistics 2012). Elle s'appuie sur les méthodes Monte-Carlo Quasi Monte-Carlo (cf. fonction QSIMVNEF) développées par Alan Genz, professeur au département de mathématiques de Washington State University.

- IMAPPINGFAMILY (Rabier, Genz) : logiciel MATLAB avec interface graphique, regroupant les différentes méthodes de calcul de valeur critiques présentées dans l'article "The supremum of Chi-Square processes" (Rabier, Genz, Methodology and Computing in Applied Probability 2013) ainsi que dans l'article soumis "Chi square processes for gene mapping in a population with family structure".
- SPIMAPWGD (Rabier, Ané) : version du logiciel c++ SPIMAP (Rasmussen, Kellis 2011), permettant la détection de duplications entières du génome selon le modèle proposé dans l'article "Detecting and Locating Whole Genome Duplications on a phylogeny : a probabilistic approach" (Rabier, Ta, Ané, MBE 2014)
- GENE COUNT SOFTWARE (Ta, Rabier, Ané) : R package, utilisant le nombre de copies de gènes dans chaque espèce, pour la détection de duplications entières du génome (selon le modèle présenté dans Rabier, Ta, Ané, MBE 2014).

Conférences invitées (orateur souligné) :

- C Ané, T Ta, C-E Rabier. "Probabilistic approaches for detecting and locating whole genome duplications". Statistical Methods for Post-Genomic Data, Paris, Janvier 2014.
- C-E Rabier. "Gaussian and Chi-Square processes for Quantitative Trait Locus mapping under selective genotyping". International Indian Statistical Association Conference, Riverside, California, USA, Juillet 2014.

Conférences/Séminaires (orateur souligné) :

- R. Sabbadin, D.Spring, C-E Rabier. "Dynamic reserve site selection under contagion risk of deforestation". International Congress on Modelling and Simulation, Melbourne, Australie, 2005.
- C-E Rabier, J-M Elsen, C. Delmas. "Rejection thresholds in Quantitative Trait Loci detection". 11th QTL-MAS Workshop, Toulouse, France, 2007.
- C-E Rabier, J-M Azaïs. "Selective Genotyping for Quantitative Trait Locus detection". Rencontre de l'équipe MAFIA du Laboratoire de Statistiques et Probabilités de Toulouse, Nissan lez Ensérunes, France, 2007.
- C-E Rabier, J-M Azaïs. "Selective Genotyping for Quantitative Trait Locus detection". Statistical Meeting, Santander-Toulouse-Valladolid, Valladolid, Espagne, 2008.
- C-E Rabier, J-M Elsen, C. Delmas. "On the theory of Quantitative Trait Locus detection". 24th International Biometric Conference, Dublin, Irlande, 2008.
- C-E Rabier, J-M Elsen, C. Delmas. "Rejection thresholds in Quantitative Trait Locus detection". Meeting of the European Association for Animal Production, Vilnius, Lituanie, 2008.
- C-E Rabier, J-M Azaïs. "Selective Genotyping pour la détection de Quantitative Trait Locus". Rencontres Statistiques et Applications, Fréjus, France, 2008.
- C-E Rabier, J-M Azaïs. "Selective Genotyping pour la détection de Quantitative Trait Locus". Rencontres de la Société Français De Statistique, Bordeaux, France, 2009.
- C-E Rabier, J-M Azaïs, C. Delmas. "Processus de tests de rapports de vraisemblance pour la détection de QTL". Rencontres de la Société Français De Statistique, Marseille, France, 2010.
- C-E Rabier. "My research in QTL detection". Stat/Math Phylogenetics group, University of Wisconsin-Madison, USA, 2011.
- C-E Rabier, C Delmas. "Likelihood Ratio Test process for Quantitative Trait Loci detection".

- Joint Statistical Meetings, Miami Beach, USA, 2011.
- C-E Rabier, C Ané. “Testing Whole Genome Duplications”. Stat/Math Phylogenetics group, University of Wisconsin-Madison, USA, 2012.
 - C-E Rabier, T Ta, C Ané. “Testing Whole Genome Duplications”. Evolution Seminar Series, University of Wisconsin-Madison, USA, 2013.
 - C-E Rabier, T Ta, Ané C. “Detecting and locating Whole Genome Duplications : a rigorous probabilistic approach”. Evolution 2013, Snowbird, USA.
 - C Ané, T Ta, C-E Rabier. “Probabilistic approaches for detecting and locating whole genome duplications”. Séminaire du Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Lyon 1, Janvier 2014.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de Statistiques de l’Institut de Recherche Mathématiques de Rennes, INSA de Rennes, Janvier 2014.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de Probabilités et Statistiques, Laboratoire Dieudonné, Université de Nice, Février 2014.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de Statistiques du laboratoire Jean Kuntzmann, Université Joseph Fourier, Grenoble, Février 2014.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et Arbres phylogénétiques pour le génome”. Séminaire de Statistiques du laboratoire Statistique et Génome, Université d’Evry, Mars 2014.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et Arbres phylogénétiques pour le génome”. Séminaire Mathématique, Évolution, Génomique, Université d’Aix-Marseille, Avril 2014.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de Probabilités et Statistiques du laboratoire de Mathématiques et leurs Applications, Université de Pau et des Pays de l’Adour, Avril 2014.
 - C-E Rabier, T Ta, C Ané. “Probabilistic approaches for detecting and locating whole genome duplications”. Séminaire de l’unité MIAT, INRA Toulouse, Juin 2014.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de l’équipe MODAL, INRIA Lille, Février 2015.
 - C-E Rabier, T Ta, C Ané. “Probabilistic approaches for detecting and locating whole genome duplications”. Séminaire de l’équipe Biomathématique de l’unité GenPhySE, INRA Toulouse, Mars 2015.
 - C-E Rabier, T Ta, C Ané. “Probabilistic approaches for detecting and locating whole genome duplications”. Séminaire de l’équipe Méthodes et Algorithmes pour la bioinformatique, LIRMM, Montpellier, Mars 2015.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de Mathématiques, Université de Bretagne Sud, Avril 2015.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de Probabilités et Statistiques, université de Bordeaux 1, Avril 2015.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et arbre phylogénétiques pour la génomique”. Séminaire de statistiques, ENSAI, Rennes, France, 2015.
 - C-E Rabier, P Barre, G Charmet, B Mangin. “On the accuracy of genomic selection”. IMS-China International Conference on Statistics and Probability, Kunming, China 2015.
 - C-E Rabier, Barre P, Charmet G, Mangin B : “On the accuracy of genomic selection”. Séminaire de l’unité MIAT, INRA Toulouse, Novembre 2015.
 - C-E Rabier. “Processus Gaussiens et de Chi Deux pour la détection de gènes”. Séminaire de Statistiques, Université de Strasbourg, Novembre 2015.