

Stéphane Ghozzi

Chercheur intéressé par le soutien, à travers analyses et visualisations interactives, de la préparation et la réponse en santé publique : application et évaluation d'approches d'apprentissage machine, développement et déploiement de tableaux de bord interactifs. Parcours de physique théorique fondamentale vers la biophysique et maintenant l'épidémiologie de maladies infectieuses. Adore assembler des équipes pluridisciplinaires, confortable en tant qu'analyste et développeur indépendant.



twitter.com/stephaneghozzi · gitlab.com/stephaneghozzi · linkedin.com/in/stephaneghozzi · scholar.google.com/citations?user=uGVLwREAAAAJ · researchgate.net/profile/Stephane_Ghozzi

Expérience

Assistant de recherche

Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung (HZI)

1^{er} juin 2020 – présent · 1 an 1 mois

Braunschweig, Allemagne

helmholtz-hzi.de/en/research/research-topics/bacterial-and-viral-pathogens/epidemiology/our-research/ · sormas.org

Senior scientist, statistical methods and tools for public health, in the Epidemiology department (Krause group). Scientifique senior, méthodes statistiques et outils pour la santé publique, dans le département d'Épidémiologie (groupe Krause).

Surveillance Outbreak Response Management and Analysis System (SORMAS) : Soutien automatisé à la prise de décision par les utilisateur·rice·s de SORMAS. Stratégies pour amener les calculs jusqu'aux données de façon à permettre des analyses poussées sans compromettre la protection des données.

Effet du changement climatique sur la dynamique de maladies infectieuses : Modélisation statistique de l'impact à court et long termes des changements environnementaux et démographiques sur la dynamique de la maladie de Lyme en Allemagne.

Apprentissage machine pour la sérologie multiplex.

Gestion et organisation :

- interlocuteur pour les thèmes de l'analyse et des processus automatisés ;
- soutien d'étudiant·e·s ;
- demandes de financement.

Robert-Koch Institut (RKI)

15 avril 2016 – 31 mai 2020 · 4 ans 2 mois

Berlin, Allemagne

rki.de/signale-project

Apprentissage machine, informatique, statistique et visualisation, équipe Signale, Département d'Épidémiologie des Maladies infectieuses.

Recherche et développement :

- développement d'algorithmes de détection d'épidémies et modélisation de dynamique d'infection ;
- évaluation de performance et optimisation de paramètres des algorithmes ;
- traitement automatique du langage naturel d'articles en ligne pour soutenir la surveillance internationale de maladies infectieuses ;
- visualisations interactives pour les professionnel-le-s des résultats et autres données.

Gestion et organisation :

- porte-parole de l'équipe (quatre scientifiques des données, deux développeurs web, en moyenne deux étudiant-e-s en Master) ;
- coordination du *Topic Group Outbreaks* du *Focus Group AI for Health* de l'UIT et de l'OMS : itu.int/en/ITU-T/focusgroups/ai4h/Pages/tg.aspx
- encadrement de thèses de Master ;
- organisation de workshops et hackathons ;
- demandes de financement.

Organisation mondiale de la Santé (OMS)

1^{er} mai 2019 – 31 octobre 2019 · 6 mois

Geneva, Switzerland

who.int/eios · who.int/emergencies/outbreak-toolkit

Apprentissage machine et développement d'application web pour le renseignement épidémiologique et les enquêtes d'épidémies d'origine inconnue.

Dans les unités *Detection, Verification and Risk Assessment* (DVA) et *Health Operations Monitoring and Data Collection* (MDC) du département *Health Emergency Information and Risk Assessment* (HIM) au sein du programme *WHO Health Emergencies* (WHE).

**Artiste
plasticien**

indépendant

1^{er} mars 2012 – 14 avril 2016 · 4 ans 1 mois

Berlin, Allemagne

stephaneghozzi.com

Dessin, animation générative, photographie, vidéo, animation 3d.

Sélection de projets et coopérations :

- 2014 : vidéos montrées dans le festival *backup*, E-Werk, Weimar ;
- 2005 : douze illustrations pour *Trace.project*, un album-compilation de musique électronique originale ;
- 2005 : vidéographie pour l'œuvre de danse *Entre-Deux* de Mirjam Fruttiger, Paris and Rome (dont un séjour d'une semaine à la Villa Médicis) ;
- 2004 : vidéographie sur le documentaire *Manchay Tiempo* de Florence Blum et María Pía Medina-Luna (tournage de quatre semaines au Pérou) ;
- 2002 : dessins et photographies publiés dans la revue *R de réel*.

**Chercheur
postdoctorant**

Institut für Theoretische Physik (THP), Universität zu Köln

1^{er} mars 2010 – 29 février 2012 · 2 ans

Cologne, Allemagne

www.thp.uni-koeln.de/~lassig

Modèles statistiques et mécanistiques d'évolution biologique, dans le groupe Lässig.

Modèle mathématique et analyse de la croissance et expression génétique bactériennes, interprétation de résultats expérimentaux.

Signatures de sélection dans les séquences ADN et comparaison avec modèles de génétique des populations :

- évolution à long terme de virus de la grippe ;
- motifs de sites de fixation de facteurs de transcription chez la levure.

Signatures de co-evolution dans les séquences de protéines.

**Assistant
enseignement**

Universität zu Köln

1^{er} septembre 2010 – 30 janvier 2012 · 1 an 5 mois

Cologne, Allemagne

Mathématiques et physique statistique pour étudiant-e-s en Bachelor.

UPMC Sorbonne Universités

1^{er} octobre 2005 – 31 août 2009 · 3 ans 11 mois

Paris, France

Thermodynamique, optique et ondes, méthodes mathématiques pour étudiants en Bachelor.

Doctorant

Laboratoire de Physique Statistique (LPS), École normale supérieure

1^{er} septembre 2005 – 31 décembre 2009 · 4 ans 4 mois

Paris, France

www.labos.upmc.fr/ljp/?article7 · www.lps.ens.fr

Biophysique théorique et expérimentale, dans le groupe Chatenay : Dynamique de réseaux de régulation génétique

Titulaire d'une bourse de 60 k€ pour financer le projet expérimental (sur 3 ans, utilisé pour acheter du matériel et des consommables) : programme « Interface physique, biologie et chimie : soutien à la prise de risque 2007-2009 » du CNRS.

Séries temporelles de niveaux d'expression génétique, par microscopie de fluorescence, du réseau de décision lyse-lysogénie du bactériophage Lambda :

- biologie moléculaire (extraction de gènes viraux, insertion de gènes codant pour des protéines fluorescentes, modification de génome bactérien) ;
- microbiologie (cultures bactériennes et virales) ;
- automatisation et microscopie de fluorescence ;
- analyse d'images.

Analyse mathématique de statistiques de bruits dans l'expression génétique bactérienne.

Simulation informatiques de dynamiques et d'évolution de réseaux de régulation génétique.

**Volontariat
Membre
fondateur**

Celsius

1^{er} août 2007 – 31 août 2009 · 2 ans 1 mois

Paris, France

Celsius était un groupe de réflexion qui avait pour but de développer le projet européen.

- Élaboration de documents de fonds sur des thèmes techniques ;
- préparation, organisation et suivi de rencontres de deux jours à Madrid, Brussels et Paris, chacune avec plus 30 participant·e·s ;
- développement de stratégies de publication, print et en ligne.

Stages

Laboratoire de l'Accélérateur Linéaire (LAL), Université Paris-Sud

1^{er} février 2005 – 31 mars 2005 · 2 mois

Orsay, France

Physique théorique des particules, dans le groupe Davier : calcul de quantités fondamentales de la physique des hautes énergies à partir de données d'expériences de collisions de particules.

Deutsches Elektronen-Synchrotron (DESY), Humboldt-Universität zu Berlin

17 janvier 2003 – 31 août 2003 · 7 mois

Zeuthen, Allemagne

Physique théorique des particules, dans le groupe Jegerlehner : analyse de données expérimentales avec des modèles ad hoc et fondamentaux de particules élémentaires.

Laboratoire Kastler Brossel (LKB), École normale supérieure

1^{er} juin 2002 – 31 août 2002 · 3 mois

Paris, France

Physique quantique expérimentale, dans le groupe Grynberg : construction d'un piège à atomes optique.

Éducation

Certifications Coursera

1^{er} janvier 2016 – 31 mars 2016 · 3 mois

Practical Predictive Analytics: Models and Methods

Machine Learning

Data Manipulation at Scale: Systems and Algorithms

Doctorat École normale supérieure

1^{er} septembre 2005 – 31 décembre 2009 · 4 ans 4 mois

Paris, France

Biophysique théorique et expérimentale : dynamique de réseaux de régulation génétique. Cf. « Expérience » ci-dessus pour les détails.

Bachelor & master École normale supérieure

1^{er} septembre 2001 – 31 août 2005 · 4 ans

Paris, France

Physique théorique et mathématique : spécialisations en physique des particules et physique statistique.

Entrée et bourse obtenues sur concours.

Activités : président des clubs étudiants Photographie et Vidéo en 2002 et 2003 :

- présenter, défendre et gérer les budgets ;
- initiation et soutien des membres.

Post-diplôme **École nationale supérieure des arts décoratifs**

1^{er} septembre 2003 – 31 août 2004 · 1 an

Paris, France

CGI, animation 3d, post-production.

Compétences

Code R, Python, LaTeX, Mathematica, Matlab, Processing (Java), SQL, Perl, C++, Shell

Outils Git, Jira, Confluence, Team Foundation Server (management agile : Scrum, Kanban), SQL Server Management Studio, Photoshop, Illustrator, After Effects, Microsoft Office, 3ds Max, Blender

Langues français (langue maternelle)
allemand (courant)
anglais (courant)
japonais (bases)

Publications

- [1] T. Jombart*, S. Ghozzi*, D. Schumacher, T. J. Taylor, Q. J. Leclerc, M. Jit, S. Flasche, F. Greaves, T. Ward, R. M. Eggo, E. Nightingale, S. Meakin, O. J. Brady, Centre for Mathematical Modelling of Infectious Diseases COVID-19 Working Group, G. F. Medley, M. Höhle, and W. J. Edmunds, “Real-time monitoring of COVID-19 dynamics using automated trend fitting and anomaly detection,” *Philosophical Transactions of the Royal Society B : Biological Sciences*, vol. 376, no. 1829, p. 20200266, jul 2021. [Online]. Available : <https://doi.org/10.1098/rstb.2020.0266>
- [2] M. Becker, M. Strengert, D. Junker, P. D. Kaiser, T. Kerrinnes, B. Traenkle, H. Dinter, J. Häring, S. Ghozzi, A. Zeck, F. Weise, A. Peter, S. Hörber, S. Fink, F. Ruoff, A. Dulovic, T. Bakchoul, A. Baillot, S. Lohse, M. Cornberg, T. Illig, J. Gottlieb, S. Smola, A. Karch, K. Berger, H.-G. Rammensee, K. Schenke-Layland, A. Nelde, M. Märklin, J. S. Heitmann, J. S. Walz, M. Templin, T. O. Joos, U. Rothbauer, G. Krause, and N. Schneiderhan-Marra, “Exploring beyond clinical routine SARS-CoV-2 serology using MultiCoV-Ab to evaluate endemic coronavirus cross-reactivity,” *Nature Communications*, vol. 12, 02 2021. [Online]. Available : <https://doi.org/10.1038/s41467-021-20973-3>
- [3] A. Abbood, A. Ullrich, R. Busche, and S. Ghozzi, “EventEpi — A natural language processing framework for event-based surveillance,” *PLOS Computational Biology*, vol. 16, no. 11, pp. 1–16, 11 2020. [Online]. Available : <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1008277>
- [4] O. Stojanović, J. Leugering, G. Pipa, S. Ghozzi, and A. Ullrich, “A Bayesian Monte Carlo approach for predicting the spread of infectious diseases,” *PLOS ONE*, vol. 14, no. 12, pp. 1–20, 12 2019. [Online]. Available : <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0225838>

- [5] B. Zacher, A. Ullrich, and S. Ghazzi, “Supervised Learning for Automated Infectious-Disease-Outbreak Detection,” *Online Journal of Public Health Informatics*, vol. 11, no. 1, 2019. [Online]. Available : <https://doi.org/10.5210/ojphi.v11i1.9770>
- [6] F. Eckelmann, S. Ghazzi, and A. Ullrich, “Dashboards as strategy to integrate multiple data streams for real time surveillance,” *Online Journal of Public Health Informatics*, vol. 11, no. 1, 2019. [Online]. Available : <https://doi.org/10.5210/ojphi.v11i1.9701>
- [7] N. Sarma, A. Ullrich, H. Wilking, S. Ghazzi, A. K. Lindner, C. Weber, A. Holzer, A. Jansen, K. Stark, and S. Vygen-Bonnet, “Surveillance on speed : Being aware of infectious diseases in migrants mass accommodations - an easy and flexible toolkit for field application of syndromic surveillance, Germany, 2016 to 2017,” *Eurosurveillance*, vol. 23, no. 40, 2018. [Online]. Available : <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.40.1700430>
- [8] L. Perfeito, S. Ghazzi, J. Berg, K. Schnetz, and M. Lässig, “Nonlinear Fitness Landscape of a Molecular Pathway,” *PLOS Genetics*, vol. 7, no. 7, pp. 1–10, 07 2011. [Online]. Available : <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1002160>
- [9] S. Ghazzi, J. Wong Ng, D. Chatenay, and J. Robert, “Inference of plasmid-copy-number mean and noise from single-cell gene expression data,” *Phys. Rev. E*, vol. 82, p. 051916, Nov 2010. [Online]. Available : <https://doi.org/10.1103/PhysRevE.82.051916>
- [10] S. Ghazzi, “Expression Dynamics of a Genetic Regulatory Network : the Lysis/Lysogeny Decision of Bacteriophage Lambda,” Theses, Université Pierre et Marie Curie - Paris VI, Dec. 2009. [Online]. Available : <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00515109>
- [11] S. Ghazzi and F. Jegerlehner, “Isospin violating effects in e^+e^- vs. τ measurements of the pion form factor $|F_\pi|^2(s)$,” *Physics Letters B*, vol. 583, no. 3, pp. 222 – 230, 2004. [Online]. Available : <https://doi.org/10.1016/j.physletb.2004.01.021>