

# Florent Guinot

## Doctorant en statistiques

📍 26, avenue cousin de Méricourt  
94230 Cachan  
☎ +33 (0) 673306124  
✉ guinotflorent@gmail.com  
🌐 fr.linkedin.com/in/florentguinot

### PROFIL

Passionné par les sciences, je me suis tout d'abord intéressé à la biologie avant de poursuivre mes études dans le domaine de l'agronomie. Ma curiosité m'a encouragée à en apprendre plus sur les mathématiques appliquées et les statistiques. Je me suis ainsi pleinement épanoui lors de ma thèse en biostatistiques et je suis actuellement à la recherche d'un emploi pouvant mettre à profit mon profil multidisciplinaire sur des problématiques liées à l'intelligence artificielle, le machine learning et la modélisation statistique.

### PARCOURS PROFESSIONNEL

JANV 2016 – AUJOURD'HUI  
UEVE – Bioptimize  
Evry, FRANCE

#### Thèse CIFRE en mathématiques appliquées

*Statistical learning for omics association and interaction studies based on blockwise feature compression.*

- Prise en compte de la structure du génome pour l'amélioration de la puissance statistique en étude d'association pangénomique via combinaison de classification hiérarchique et de régression pénalisée.
- Détection d'interactions en grande dimension sur des jeux de données structurés. Application pour la recherche d'interaction entre génome et microbiome.
- Co-développement de l'*engine* (code R) du logiciel *Bioptilab*. Collaboration directe avec le développeur Front-end pour la mise en place des codes sur la plate-forme d'analyse.
- Enseignement de probabilités en Licence de biologie à l'UEVE.

MARS 2013 – DÉC 2015  
Syngenta France,  
Ressons-sur-Matz, FRANCE

#### Ingénieur de sélection variétale

*Développement de nouvelles variétés de colza pour la France et l'Angleterre.*

- Analyse statistique de données phénotypiques pour le développement de nouveaux hybrides à haut potentiel de rendement.
- Identification de lignées parentales ayant une bonne aptitude générale à la combinaison (utilisation des modèles mixtes).
- Caractérisation agro-climatique du réseau multi-local d'essais variétaux (ACP, méta-analyse pluriannuelles des données météorologiques).
- Management de techniciens et d'un apprenti.
- Gestion des données de phénotypage et du matériel génétique dans la base de données interne.

MARS 2012 – SEPT 2012  
Limagrain Europe  
Verneuil l'Etang, FRANCE

#### Mémoire ingénieur agronome

*Mémoire de fin d'étude sur l'amélioration génétique de la tolérance du colza à *Sclerotinia sclerotiorum*.*

- Détection de QTL de résistance à la maladie.
- Mise en place d'un protocole expérimentale pour une évaluation précoce de la maladie.
- Analyse statistique des résultats de phénotypage (statistique descriptive, analyse de variance).

FÉV 2011 – AVR 2011  
Tokyo Metropolitan University  
Tokyo, JAPON

#### Stage ingénieur agronome

Etude des mécanismes de biosynthèse des protéines « pathogen-related » PR10 chez le riz.

AVR 2007 – JUIN 2007  
Université Nong Lam  
HoChiMinh Ville, VIETNAM

#### Stage technicien supérieur

Etude de la synthèse d'alcaloïdes anti-tumoraux chez la Pervenche de Madagascar.

## FORMATIONS

---

2016 – 2018 Ecole doctorale SDSV Université Paris Saclay	<b>Doctorat en mathématiques appliquées</b> Développement de méthodes statistiques pour améliorer la puissance en études d'association pangénomiques (GWAS).
2008 – 2012 AgroParisTech Paris	<b>Diplôme ingénieur agronome</b> Cursus avec une 1ère année de tronc commun généraliste et des spécialisations en agronomie, agro-alimentaire, nutrition, santé en 2ème et 3ème année.
2007 – 2008 Lycée agricole Le Paraclet Boves	<b>Ecole préparatoire post-DUT</b> Ecole préparatoire aux concours agro-véto.
2005 – 2007 Université Jules Verne Amiens	<b>Diplôme Universitaire et Technique</b> Institut Universitaire et technique, Génie biologique option agromie.

## DOMAINES DE CONNAISSANCES

---

STATISTIQUES	- Modèle linéaire généralisé, régression pénalisée (ridge, lasso, elastic-net) - Régression non-linéaire (splines, gam, noyaux) - Tests d'hypothèses, analyse factorielle (ACP, ACP-sparse, ACM) - Classification supervisée (PLS, LDA, regression logistique) - Classification non-supervisée (k-means, classification hiérarchique).
MACHINE LEARNING	Random forest, SVM, réseaux de neurones.
BIOLOGIE	Génétique quantitative, épidémiologie génétique, biologie moléculaire, physiologie végétale.
AGRONOMIE	Expérimentation végétale, améliorations des plantes, agro-écologie.

## COMPÉTENCES

---

PROGRAMMATION	R (avancé), Python (bases), Matlab (intermédiaire), VBA (intermédiaire), C++ (bases).
GESTION DE PROJET	Rédaction de rapport en Latex et Rmarkdown, planification expérimentale, communication orale (poster et présentation), versioning sous Git.
LANGUES	Français (Langue maternelle), Anglais (Courant), Espagnol (Notions).

## PUBLICATIONS/COMMUNICATIONS/LOGICIELS

---

PUBLICATIONS	- Learning the optimal scale for GWAS through hierarchical SNP aggregation, 2017. <a href="https://arxiv.org/abs/1710.01085">https://arxiv.org/abs/1710.01085</a> - Une approche hiérarchique de la recherche d'interactions entre données omiques, 2018. <a href="https://toltext.u-ga.fr/users/RCqls/Workshop/jds2018/resumesLongs/subm356.pdf">https://toltext.u-ga.fr/users/RCqls/Workshop/jds2018/resumesLongs/subm356.pdf</a>
COMMUNICATIONS ORALE	- Fast Computation of Genome-Metagenome Interaction Effects, 2018. 50 <sup>th</sup> Journées de Statistique - French Society of Statistics (SFDS), EDF Lab Paris Saclay - France. <a href="http://maths.cnam.fr/IMG/pdf/cnam2018-slides_cle0e7faf.pdf">http://maths.cnam.fr/IMG/pdf/cnam2018-slides_cle0e7faf.pdf</a> - Learning the optimal scale for GWAS through hierarchical SNP aggregation, 2017. Statistical Methods in Biopharmacy (SMB), Paris - France.
POSTERS	- Learning the optimal scale for GWAS through hierarchical SNP aggregation, 2017. 38 <sup>th</sup> annual conference of the International Society for Clinical Biostatistics (ISCB), Vigo - Spain. - Learning the optimal scale for GWAS through hierarchical SNP aggregation, 2017. Statistical Methods for Post Genomic Data (SMPGD), London - England.
LOGICIELS	- R package SIComORE : <a href="https://github.com/fguinot/sicomore-pkg">https://github.com/fguinot/sicomore-pkg</a> - Webserver tool LEOS : <a href="http://stat.genopole.cnrs.fr/leos">http://stat.genopole.cnrs.fr/leos</a>