

**Hadrien Lorenzo**  
108 rue des Terres de Borde  
33800 Bordeaux, France

06 49 09 55 78  
✉ hadrien.lorenzo@u-bordeaux.fr  
💎 hadrienlorenzo.netlify.com



## Cursus universitaire

- 2008 : BAC S, mention très bien. Lycée Guillaume Apollinaire, Nice.
- 2008 - 2011 : Étudiant en classes préparatoires, filière PSI. Lycée Masséna, Nice.
- 2015 :
  - Diplôme ingénieur CentraleSupélec, majeure MATIS (*Mathématiques Appliquées au Traitement de l'Information et du Signal*), Gif-sur-Yvette.
  - Master de recherche de l'université Paris-Sud, ATSI (*Automatique et Traitement du Signal et des Images*), Orsay.
- 2019 : Doctorat de l'université de Bordeaux, Biostatistique.

## Collaborations

- International AIDS Vaccine Initiative, Londres, Royaume-Uni : Jonathan Hare.
- University Medical Center Hamburg-Eppendorf, 1<sup>st</sup> Department of Medicine, 20246, Hambourg, Allemagne : Anne Rechten.
- Equipe SISTM, INSERM U1219, INRIA BSO, Bordeaux, France : Laura Richert, Solenne Delahaye, Henri Bonnabau et Boris Hejblum.
- Equipe Vintage, INSERM U1219, Bordeaux, France : Misbah Razzaq, Felipe Leal Valentim et David-Alexandre Trégoût.
- Equipe Biomarqueurs, INRA, Bordeaux, France : Marie-Pierre Ellies.

## Articles publiés

- RECHTIEN, A.\* , L. RICHERT\*, H. LORENZO, . . . , R. THIÉBAUT, M. ALTFLED, M. ADDO. 2017, « Systems Vaccinology Identifies an Early Innate Immune Signature as a Correlate of Antibody Responses to the Ebola Vaccine rVSV-ZEBOV », *Cell reports*, vol. 20, n°9, p. 2251–2261., [e](#)
- LORENZO, H., R. MISBAH, J. ODEBER, P.-E. MORANGE, J. SARACCO, D.-A. TRÉGOÛET ET R. THIÉBAUT. 2019, « High-dimensional multi-block analysis of factors associated with thrombin generation potential », *2019 IEEE 32nd International Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS)*, IEEE, p. 453–458, [e](#)
- LORENZO, H.\* , ELLIES-OURY, M.-P.\* , C. DENOYELLE, J. SARACCO ET B. PICARD. 2019, « An original methodology for the selection of biomarkers of tenderness in five different muscles », *Foods*, vol. 8, n°6, p. 206, [e](#)

---

\*. Même contribution des auteurs.

## Articles soumis

- LORENZO, H., J. SARACCO ET R. THIÉBAUT. 2019, « Supervised learning for multi-block incomplete data », *arXiv preprint arXiv :1901.04380*, [e](#)
- LORENZO, H., J. SARACCO ET R. THIÉBAUT. 2019, « ddsPLS : A Package to Deal with Multiblock Supervised Problems with Missing Samples in High Dimension », [f](#)

## Communications orales dans un congrès international

- LORENZO, H., R. THIÉBAUT ET J. SARACCO. 2018, « Multi-block high-dimensional lasso penalized analysis with imputation of missing data applied to postgenomic data in an Ebola vaccine trial », *Annual workshop on Statistical Methods for Post Genomic Data - SMPGD 2018*, Montpellier, France. [e](#)
- LORENZO, H., J. SARACCO ET R. THIÉBAUT. 2019, « High-Dimensional Multi-Block Analysis of Factors Associated with Thrombin Generation Potential », *32nd IEEE CBMS International Symposium on Computer-Based Medical Systems - CBMS2019*, Cordoue, Espagne. [f](#)

## Communications orales dans un congrès national

- LORENZO, H., J. SARACCO ET R. THIÉBAUT. 2018, « Une PLS multivoie parcimonieuse avec observations manquantes pour données hétérogènes », *Journées de Statistique 2018 - Société Française de Statistique (SFdS)*, EDF Lab Paris Saclay, France. [e](#)

## Communications affichées

- LORENZO, H., J. SARACCO ET R. THIÉBAUT. 2019, « Apprentissage supervisé pour données massives multi-blocs incomplètes », *JED 2019 - EDSP2*, Bordeaux, France. [f](#)
- HARE, J., C. STREATFIELD, J. YATES, W. KILEMBE, S. LAKHI, H. LORENZO, ... ET J. GILMOUR. 2016. « CD4 T-cell Counts More Closely Associate with the Cytokine Profiles Observed in Acutely Infected Volunteers than Viral Load or Replicative Capacity », *AIDS research and human retroviruses* (Vol. 32, pp. 170-170). 140 Huguenot street, 3<sup>rd</sup> fl, New Rochelle, NY 10801 USA : Mary Ann Liebert, Inc. [f](#)

## Séminaires

- ENS de Lyon, L3, « Introduction à l'apprentissage statistiques », 21 janvier 2020, Sept Laux, France.
- Sanofi Pasteur, présentation des résultats de thèse, 20 janvier 2020, Lyon, France
- Séminaires de biostatistique, BPH U1219, Bordeaux, France. [f](#)
- Séminaires de l'équipe SISTM, BPH U1219, Bordeaux, France.
- Séminaires des doctorants de l'ISPED, BPH U1219, Bordeaux, France.

## Enseignements

- M2 - Biostatistiques, ISPED, Bordeaux, France :
  - 2017-2018 : Cours et travaux dirigés : 26h.
  - 2018-2019 : Cours et travaux dirigés : 6h.
- Double cursus Ecole Santé-Sciences, équivalent M1, ISPED, Bordeaux, France :

- 2018-2019 : Cours et travaux dirigés : 24h.
- 3A ingénieur - Biostatistiques, ENSAI, Rennes (Bruz), France :
  - 2018-2019 : Projet de génétique : 21h.
- École d'été de l'ISPED, Bordeaux, France :
  - 2017-2018 : Cours et travaux dirigés : 6h.
- DU BDSI (Big data et statistique pour l'ingénieur), ENSC, Bordeaux, France :
  - 2018-2019 : Cours et travaux dirigés : 11h.

## Encadrements

- Valentin Kochejarov, stage de 3 mois, mai à juillet 2019.  
 « *Etude des méthodes de l'analyse de l'expression différentielle des données de séquençage d'ARN à haut débit.* »

## Développements logiciels

- Package ddspls :
  - Version R stabilisée sur le CRAN et la vignette associée.
  - Version R en développement sur GitHub via  
<https://github.com/hlorenzo/ddsPLS>.
  - Version Python en développement sur GitHub via  
[https://github.com/hlorenzo/py\\_ddspls](https://github.com/hlorenzo/py_ddspls).
- Site informatique personnel (R blogdown) via  
<https://hadrienlorenzo.netlify.com/>.