

✉ guillaume.louvel@normalesup.org

↗ www.normalesup.org/~glouvel

GullumLuvl

GullumLuvl

id 0000-0002-7745-0785

Guillaume Louvel

Expérience professionnelle

2021/01–2023/04

Chercheur postdoctoral, *Diversité, Écologie et Évolution Microbiennes*, Université Paris-Saclay, France.

Phylogénétique ancienne : causes d'incongruence dans les arbres de gènes avec les archées Asgard et les eucaryotes. Direction: Dr. Laura EME.

Formation

2016/09–2020/09

Thèse de doctorat, *Équipe Dyogen, Institut de Biologie de l'École Normale Supérieure*, Paris.

Datations dans les arbres de gènes: spéciations, duplications, pertes. Supervision : Pr. Hugues Roest Crollius

2018/05

Cours EMBO: Computational Molecular Evolution (CoME), *Hellenic Center for Marine Research*, Heraklion, Grèce, 61h.

2017/12

Cours de génétique des populations: Génomes, Populations, Espèces, *École Normale Supérieure*, Paris, 30h. Responsable : Pr. Guillaume Achaz.

2015–2016

Master 2^e année: Biologie Moléculaire et Cellulaire (BMC), spécialisation Bioinformatique et Modélisation (BIM), *Université Pierre and Marie Curie*, Paris, Mention Bien.

2014–2015

Stages pour le Diplôme de l'ENS (voir stages), ENS.

2013–2014

Master 1^e année: Écologie, Biodiversité, Évolution (EBE), *École normale supérieure de Paris, UPMC (Université Pierre and Marie Curie)*, Paris.

2012–2013

Licence de biologie, ENS, UPMC, Paris, Mention Assez Bien.

2010–2012

CPGE BCPST (Biologie, Chimie, Physique et Sciences de la Terre), *Lycée Sainte-Geneviève*, Versailles, France.

Juin 2010

Baccalauréat, série scientifique, *Académie de Nantes – Lycée Nicolas Appert*, Orvault, France, Mention Très Bien.

Stages

Février–Juin 2016

Stage de Master 2, *Équipe Dyogen, Institut de biologie de l'École Normale Supérieure*, Paris.

Réception de fonction des gènes dupliqués chez les vertébrés. Supervision: Pr. Hugues Roest Crollius

Mars–Juillet 2015

Stage volontaire, *Paleomix group, Centre for GeoGenetics, Muséum d'Histoire Naturelle du Danemark*, Copenhague.

A pipeline for ancient metagenomics. Supervision: Pr. Assoc. Ludovic Orlando

- Sept. 2014– **Stage volontaire**, *South African Iziko's Museum*, Le Cap, Afrique du Sud.
- Jan. 2015 Paléontologie du Karoo d'Afrique du Sud: aggrégations de juvéniles de reptiles du Permien.
Supervision: Pr. Roger Smith
- Février–Juin 2014 **Stage de Master1**, *Paleomix group, Centre for GeoGenetics, Natural History Museum of Denmark*, Copenhague.
Deciphering ancient epigenomes. Supervision: Assoc. Pr. Ludovic Orlando
- Juin–Juillet 2013 **Stage de Licence**, *Biology of Genomes, UMR 7238 CNRS, UPMC*, Paris.
Establishment of the substitution patterns and rates on several chromosomal loci of the yeast *Lachancea kluyveri*. Supervision: Pr. Gilles Fischer
Autres expériences professionnelles
- 2009 **BAFA (Brevet d'aptitude aux fonctions d'animateur**, France, Allemagne.

Enseignement

- 2018–2019 **32h, ENS**.
Cours de Biostatistiques et de génomique évolutive, assistant en TP de bioinformatique (Licence, Master)
- 2017–2018 **32h, ENS**.
assistant en TP de bioinformatique (Licence, Master)
- 2017, 2018, 2019 **3 × 3h, cours volontaire via l'association d'étudiants de l'IBENS**.
Introduction à la méthode phylogénétique comparative (PCM)
- 2013 **Colles de biologie en CPGE**, *Lycée Sainte-Geneviève*, Versailles, France.

Langues

- Anglais courant
- Français maternel
- Allemand bon

Compétences informatiques

- | | |
|---|-----------------------|
| Environnements de travail | Programmation |
| o GNU Linux | o Python, expert |
| o Mac OS X | o Bash, expert |
| o ligne de commandes UNIX | o R, efficace |
| o contrôle de version: Git | o Perl, familier |
| o High Performance Computing: Slurm, HTCondor | o Vimscript, familier |
| | o C++, apprenant |
-
- | | |
|---|---|
| Bioinformatique | Analyse de données |
| o Développement de pipelines (snake-make, GNU make) | o packages Python Numpy, Scipy, Pandas, Statsmodels, Scikit-learn |
| o NGS, alignements, phylogénie | o statistiques: ACP, régression linéaire multiple, régression Lasso, modèles mixtes, statistiques bayésiennes |

Projets logiciels

Outils généralistes pour la phylogénie :	github.com/DyogenIBENS/Phylorgs
Pipeline métagénomique pour l'ADN ancien :	bitbucket.org/Glouvel/metabit
Algorithme de réconciliation arbre d'espèces	
- arbre de gènes :	github.com/Gullumluvl/Genarium
Contributions	APE (R), simclock (R), Ete3 (Python)

Communications scientifiques

- 2023/01 **ALPHY (Alignements et Phylogénie), Grenoble.**
Causes for discord in eukaryotic protein domains inherited from Archaea
- 2023/01 **ISEP Virtual Meeting (International Society for Evolutionary Protistology), Online.**
- 2017/02 **ALPHY (Alignments and Phylogénie), Paris, MNHN.**
Genomic markers of species diversification in Vertebrates

Publications

- Louvel, G.** and Roest Crollius, H. Aug. 14, 2023. "Factors influencing the accuracy and precision in dating single gene trees". In: biorxiv: 10.1101/2020.08.24.264671v2. doi: 10.1101/2020.08.24.264671. Submitted.
- Szenker-Ravi, E., Ott, T., Khatoo, M., Moreau de Bellaing, A., Goh, W. S., Chong, Y. L., Beckers, A., Kannesan, D., and **Louvel, G.**, et al. 2022. "Discovery of a genetic module essential for assigning left–right asymmetry in humans and ancestral vertebrates". In: *Nature Genetics* 54.1, pp. 62–72. doi: 10.1038/s41588-021-00970-4.
- Louvel, G.**, Der Sarkissian, C., Hanghøj, K., and Orlando, L. May 2016. "metaBIT, an integrative and automated metagenomic pipeline for analyzing microbial profiles from high-throughput sequencing shotgun data". In: *Mol. Ecol. Resour.* doi: 10.1111/1755-0998.12546.
- Gillet-Markowska, A., **Louvel, G.**, and Fischer, G. Nov. 2015. "bz-rates: A Web Tool to Estimate Mutation Rates from Fluctuation Analysis." In: *G3 (Bethesda)*. 5.11, pp. 2323–7. doi: 10.1534/g3.115.019836.
- Seguin-Orlando, A., Gamba, C., Der Sarkissian, C., Ermini, L., **Louvel, G.**, Boulygina, E., Sokolov, A., Nedoluzhko, A., and Lorenzen, E. D., et al. Jan. 2015. "Pros and cons of methylation-based enrichment methods for ancient DNA." In: *Sci. Rep.* 5, p. 11826. doi: 10.1038/srep11826.

Intérêts personnels

Bénévolat et vie associative

- Membre de l'organisation de la conférence YRLS 2017 (Young Researchers in Life Sciences), Paris.
- Vice-trésorier de l'association Phoenix de Montrouge, 2017–2019 (ultimate frisbee)

Sciences

- Évolution;
- Faune et flore;
- Paléontologie, histoire de la Terre et de la vie;
- ...

Autre

- Sport (course, ultimate frisbee, randonnée, escalade) ;
- Réparation de vélos ;
- Science-fiction, fantasy ;
- Rock psychédélique.