
Joseph Lucas

Ingénieur centralien et docteur en bio-informatique

Principales compétences en informatique

Languages Haskell, Python, Bash, HTML/CSS/Javascript

DevOps Linux (NixOS, Arch Linux, Debian), packaging (Nix, Docker), réseau, micro-services, serveur mail, SQL BDD

Outils Git, Nix, Docker, Make, Shake, Pandoc

Protocoles GraphQL, REST API

Tests Tasty, Hedgehog, Pytest, Unittest, FactoryBoy

Outils de bioinfo Jbrowse, SnakeMake

IDE VScode, Pycharm

Graphisme Inkscape and GIMP

Méthodologies Approches top-down et bottom-up, AGILE, pair-programming, code reviews, test driven development (TDD), keep it simple stupid (KISS), Kanban, daily bibliography, unit test, property test, golden test, doc test

Contribution au libre <https://github.com/DyogenIBENS/PhylDiag>

<https://github.com/DyogenIBENS/LibsDyogen>

Expérience

2019-2020 *Formation à la programmation fonctionnelle Nix/NixOS/NixOps/Haskell et création de l'entreprise Pambda* (Lorient, France)

Travail au milieu d'autres freelances dans un espace de coworking à la colloc de Lorient.

2019 (6 months) Break sabbatique et projet personnel en histoire

2017-2018-déc *Ingénieur informatique, Abolis biotechnologies* (Évry, France)

Développement du backend d'un système de gestion d'information (LIMS), conception d'une pipeline de bio-informatique, gestion de big data, de systèmes Linux et de problématiques réseaux.

2012-2016 *Ph.D. en bio-informatique IBENS* (Paris, France)

Étude de l'évolution de l'ordre des gènes le long des chromosomes de vertébrés. Modélisation, algorithmique, programmation et calculs probabilistes. Supervision d'un stagiaire en fin d'étude de l'ENSEA.

2011 (6 months) *Stage de fin d'étude à SCR Siemens* (Princeton, USA)

Imagerie médicale et visualisation en 3D pour la chirurgie minimaliste.

2010 (4 months) *Stage au CEA List lab* (Fontenay-aux-Roses, France)

Couplage de caméra 3D et caméra couleur pour la capture de mouvements.

2009 (1 month) *Stage ouvrier au CHU de Nantes* (Saint Herblain, France)

Brancardier

Formation

2012-2016 *Doctorat en bio-informatique*, IBENS et École Doctorale 515 Complexité du Vivant (Paris, France)

Effectué dans l'équipe de bio-informatique de Hugues Roest Crollius. Thèse défendue en mai 2016.

2010-2012 *2^{ème} partie d'école d'ingénieur* à l'École Centrale de Paris (Antony, France).

Spécialisation en bio-technologies et génie des procédés pour des applications environnementales et pharmacologiques.

2008-2010 *1^{ère} partie d'école d'ingénieur* à l'École Centrale de Nantes (Nantes, France).

Spécialisation en informatique, traitement d'images et imagerie médicale.

2007-2008 *Classe préparatoire aux Grandes Écoles à Chaptal* (Paris, France).

Langues

Français Natif

Anglais International (C1 (4.3) 'Gymglish Certificate', reconnu par le CNCP)

Loisirs

Musique Guitare, chant, chorale, groupes de musique

Lecture Histoire, biographies, biologie et les livres sur la programmation fonctionnelle

Sports Course à pieds et planche à voile

Communications

Publications

- Joseph Lucas. “NixOS, quand la programmation fonctionnelle rencontre Linux”. *Linux Pratique* 117 (jan-feb 2020).
- Joseph MEX Lucas and Hugues Roest Crollius. “High precision detection of conserved segments from synteny blocks”. In: *PLOS ONE* 12.7 (July 2017), pp. 1–22.
- Joseph MEX Lucas, Matthieu Muffato, and Hugues Roest Crollius. “PhylDiag: identifying complex synteny blocks that include tandem duplications using phylogenetic gene trees”. In: *BMC Bioinformatics* 15.1 (2014), p. 268. issn: 1471-2105.
- S. Miao, R. Liao, J. Lucas, C. Chefd’hotel. “Toward Accurate and Robust 2-D/3-D Registration of Implant Models to Single-Plane Fluoroscopy”. In: *Augmented Reality Environments for Medical Imaging and Computer-Assisted Interventions*. Springer Berlin Heidelberg, 2013, pp. 97–106.
- S. Miao, J. Lucas, and R. Liao. Automatic pose initialization for accurate 2d/3d registration applied to abdominal aortic aneurysm endovascular repair. *Proc.*

Thèse • Joseph Lucas. “Étude de l’évolution de l’ordre des gènes de vertébrés par simulation”. Sous la direction d’Hugues Roest Crollius. PhD thesis. Université Pierre et Marie Curie, 2016.

Brevet • S. Miao, J. Lucas, and R. Liao. Automatic pose initialization for accurate 2-D/3D registration applied to abdominal aortic aneurysm endovascular repair. US Patent 8,588,501. Nov. 2013.

Enseignements

- *Professeur particulier*, Maths et guitare pour lycéens
- *École d’été*, Roscoff 06/15-16/2014, 6h, initiation à la génomique comparative avec travail dirigé sur ordinateur
- *Teaching at IBENS*, Paris 23/10/2014, 4h, “Jurassic Park in silico : Computational Comparative Genomics” pour un groupe de 8 étudiants + travaux pratique sur ordinateur. Organisation d’un examen oral portant sur une revue d’articles. Talks and posters
- Poster, *Genome Informatics*, Cambridge, 2012/9/6-9, MagSimus : Modeling Ancestral Genomes by SIMulationS

-
- Poster, Welcome days of ED515, Roscoff, 2012/10/29-31, Algorithms for Ancestral Genome Reconstruction via Comparative Genomics
 - Talk, ALPHY, Lyon, 2013/2/6-7, MagSimus : Realistic modeling of gene order evolution in vertebrate genome
 - Poster, YRLS, Paris, 2013/5/22-24, MagSimus : Modeling Ancestral Genomes by SIMulationS
 - Poster, Jobim, Toulouse, 2013/7/1-4, MagSimus : Modeling Ancestral Genomes by SIMulationS
 - Poster, Recomb CG, Lyon, 2013/10/17-19, PhylDiag : identifying complex cases of conserved synteny that include tandem duplications
 - Talk, IBENS functional genomic team talks, Paris, 2014/01/27, If you can't do it for real, fake it ! Simulating the evolution of gene order during 400 million years
 - Talk, ALPHY/PhyloSIB, Genève, 2014/2/4-5, PhylDiag : identifying complex synteny blocks that include tandem duplications using phylogenetic gene trees
 - Talk, YRLS, Paris, 2014/5/26-28, PhylDiag : identifying complex synteny blocks that include tandem duplications using phylogenetic gene trees
 - Chairman for functional genomics section and talk, SPIBENS Retreat, Dourdan, near Paris, 2014/6/26-27, Algorithmical Reconstruction of Ancestral Gene Order
 - Chairman for some student talks and poster, Retreat of IBENS functional genomics teams, forgotten location, 2014/9/15-16, PhylDiag : identifying complex cases of conserved synteny that include tandem duplications
 - Talk, ANCESTROME, Montpellier, 2014/10/13-15, A toolkit for simulating the evolution of gene order and identifying conserved syntenies
 - Talk, Bioinfo-ENS team talks, Paris, 2015/2/5, Modeling ancestral genomes via (in silico) Simulations (J. Lucas & L. Tittman)
 - Talk, Bioinfo-ENS team talks, Paris, 2015/4/2, A custom python API to launch condor jobs
 - Poster, SMBE, Viennes, 2015/7/12-16, Backward-in-time probabilistic inference of numbers of chromosomal rearrangements followed by a forward-in-time validation by realistic
 - Talk, ANCESTROME, Paris, 2015/11/12-13, A toolkit for simulating the evolution of gene order and identifying conserved syntenies

Autres évènements

- GdR Bim, Paris, 2012/1/19-20
- Journée Boris Ephrusi, Paris, 2012/6/3-4
- Jobim, Rennes, 2012/7/3-6
- RecombCG, Frankfurt, 2015/10/4-7
- NixConf, Brno, 2019/10/25-27
- AWS summit online, 2020/06/17