

Roman Sarrazin-Gendron

Mis à jour le 29 février 2024

Courriel: roman.sarrazingendron@mail.mcgill.ca **Site web:** romansg.com **Téléphone:** 438-823-0428

Intérêts de recherche Bioinformatique, intelligence artificielle, jeux de science participative, ARN

Éducation **Université McGill** Montréal, Québec
Doctorat en informatique (en cours) Jan 2019 – Mai-Juin 2024
Thèse déposée **29 février 2024**
Défense planifiée **mai-juin 2024**
Superviseurs: Jérôme Waldispuhl et Vladimir Reinharz *moyenne:* 4.0/4.0.
Titre de la thèse: From RNA sequence to molecular function via algorithmic and citizen science approaches

Maîtrise en informatique Jan 2017 – Déc 2019
Superviseur: Jérôme Waldispuhl *moyenne:* 4.0/4.0.
Titre de la thèse: Automated, customizable and efficient identification of RNA 3D base pair modules from sequence

Baccalauréat en informatique & biologie Sept 2013 – Déc 2016
Superviseurs: Jérôme Waldispuhl et Jackie Vogel *moyenne:* 3.78/4.0.

Bourses

BESC Alexander-Graham-Bell (CRSNG)	2020-2023
	105 000\$
Bourse de recherche doctorale (FRQNT)	2020-2023
	84 000\$
Trottier Science Accelerator Fellowship (McGill)	2020-2022
	20 000\$
Grad Excellence Award (McGill)	2019-2022
	21 700\$
Bourse de recherche maîtrise (FRQNT)	2017-2018
	30 000\$
Summer Undergraduate Research Award (McGill)	2014-2015
	11 200\$

Prix

Best Micro-Talk, Riboclub Annual Meeting	Septembre 2023
	350\$

Learning the Game: Decoding the Differences Between Novice and Expert Players in a Citizen Science Game With Millions of Players

Eddie Cai, **Roman Sarrazin-Gendron**, Renata Mutalova, Parham Gheidari Ghamsemloo, Mathieu Blanchette, Sébastien Caisse, Rob Knight, Attila Szantner, Jérôme Waldispühl

Accepted à Foundations of Digital Games le 23 Février 2024

Improving microbial phylogeny with citizen science within a mass-market video game

Roman Sarrazin-Gendron, Parham Ghasemloo, Alexander Butyaev, Timothy Keding, Eddie Cai, Jiayue Zheng, Renata Mutalova, Julien Mounthanyvong, Yuxue Zhu, Elena Nazarova, Chrisostomos Drogaris, Kornel Erhart, Gearbox Software Borderlands Science consortium, Borderlands Science players, Amélie Brouillette, Gabriel Richard, Randy Pitchford, Sébastien Caisse, Mathieu Blanchette, Daniel McDonald, Rob Knight, Attila Szantner, and Jérôme Waldispühl.

Accepted à Nature Biotechnology le 5 février 2024

PERFUMES: Pipeline to Extract RNA Functional Motifs and Exposed Structures

Arnaud Chol, **Roman Sarrazin-Gendron**, Eric Lecuyer, Mathieu Blanchette, Jérôme Waldispühl

Bioinformatics, 2024, <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btae056>

When Online Citizen Science meets Teaching: Storyfication of a science discovery game to teach, learn, and contribute to genomic data analysis

Chrisostomos Drogaris, Alexander Butyaev, Elena Nazarova, **Roman Sarrazin-Gendron**, Harsh Patel, Akash Singh, Brenden Kadota, Jérôme Waldispühl

Biochemistry and Molecular Biology Education, 2023, <https://doi.org/10.1002/bmb.21796>

Player-Guided AI outperforms standard AI in Sequence Alignment Puzzles

Renata Mutalova, **Roman Sarrazin-Gendron**, Parham Gheidari Ghamsemloo, Eddie Cai, Gabriel Richard, Sébastien Caisse, Rob Knight, Mathieu Blanchette, Attila Szantner, Jérôme Waldispühl

Collective Intelligence Proceedings, 2023, <https://doi.org/10.1145/3582269.3615597>

Playing the System: Can Puzzle Gamers Teach us How to Solve Hard Problems?

Renata Mutalova*, **Roman Sarrazin-Gendron***, Eddie Cai*, BLS consortium, Sébastien Caisse, Rob Knight, Mathieu Blanchette, Attila Szantner, Jérôme Waldispühl

ACM CHI Proceedings, 2023, doi: <https://doi.org/10.1145/3544548.3581375>

*ces auteurs ont contribué également à l'article

Finding recurrent RNA structural networks with fast maximal common subgraphs of edge-colored graphs

Antoine Soulé, Vladimir Reinharz, **Roman Sarrazin-Gendron**, Alain Denise, Jérôme Waldispühl.

PLoS computational biology, 2021., <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1008990>

Augmented base pairing networks encode RNA-small molecule binding preferences

Carlos Oliver, Vincent Mallet, **Roman Sarrazin Gendron**, Vladimir Reinharz, William L Hamilton, Nicolas Moitessier, Jérôme Waldispühl.

Nucleic acids research, 2020. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa583>

Stochastic sampling of structural contexts improves the scalability and accuracy of RNA 3d module identification

Roman Sarrazin-Gendron, Hua-Ting Yao, Vladimir Reinharz, Carlos G Oliver, Yann Ponty, Jérôme Waldispühl.

RECOMB proceedings, 2020., https://doi.org/10.1007/978-3-030-45257-5_12

Automated, customizable and efficient identification of 3D base pair modules with BayesPairing

Roman Sarrazin-Gendron, Vladimir Reinharz, Carlos G Oliver, Nicolas Moitessier, Jérôme Waldispühl.

Nucleic acids research, 2019., <https://doi.org/10.1093/nar/gkz102>

Sentiment analysis: It's complicated!

Kian Kenyon-Dean, Eisha Ahmed, Scott Fujimoto, Jeremy Georges-Filteau, Christopher Glasz, Barleen Kaur, Auguste Lalande, Shruti Bhandari, Robert Belfer, Nirmal Kanagasabai, **Roman Sarrazin-Gendron**, Rohit Verma, Derek Ruths.

ACLAN proceedings, 2018., <https://doi.org/10.18653/v1/N18-1171>

Chap. de manuel

Classification and Identification of Non-canonical Base Pairs and Structural Motifs

Roman Sarrazin-Gendron, Vladimir Reinharz, Jérôme Waldispühl

RNA Folding, Springer Nature, en attente de publication

Modeling and Predicting RNA Three-Dimensional Structures

Vladimir Reinharz, **Roman Sarrazin-Gendron**, Jérôme Waldispühl

RNA Bioinformatics (collection Methods in Molecular Biology), 2021.

Présentations

Le jeu vidéé peut-il contribuer à fournir les ressources humaines nécessaire pour analyser les données scientifiques?

Présentateur invité (à venir)

Congrès TimeWorld à Trois-Rivières, 2-3-4 avril 2024

Human-Centered computing systems in computational genomics

Présentateur invité

Présentation scientifique de 90 minutes dans un cours de biotechnologie de 2e cycle

A graph-based pipeline for mining structural motifs and assembling 3D structures from sequence

Présentateur sélectionné

Riboclub Annual Meeting, septembre 2023.

The Science Behind Borderlands Science

Conférencier invité

Great Lakes Bioinformatics Conference, mai 2023.

Phylo: How to turn scientific tasks into casual games

Conférencier invité

ISMB, juillet 2020.

Stochastic sampling of structural contexts improves the scalability and accuracy of RNA 3d module identification

Présentateur sélectionné

RECOMB, juin 2020.

Efficient identification of recurrent local 3D structure networks in RNA sequences

Présentateur sélectionné

McGill Center for Structural Biology Annual Symposium, juin 2019.

Automated and Customizable Identification of RNA 3D Base Pair Modules

Présentateur invité

Riboclub Monthly seminars, février 2019.

Automated, customizable and efficient identification of RNA 3D base pair modules from sequence with BayesPairing

Présentateur invité

Computational Approaches to RNA Structure and Function, July 2018, Benasque, Espagne, juillet 2018

Affiches

Checkmate Pain!

Roman Sarrazin-Gendron, Zoha Deldar, Jerome Genzling, Sophie Desjardins, Najmeh Khalili-Mahani, Mathieu Roy.

McGill Pain Day, janvier 2024.

A graph-based pipeline for mining structural motifs and assembling 3D structures from sequence

Roman Sarrazin-Gendron, David Nitchi, Hua-Ting Yao, Vladimir Reinharz, Yann Ponty and Jérôme Waldispühl.

Riboclub Annual Meeting, septembre 2023.

Borderlands Science

Roman Sarrazin-Gendron, BLS Consortium, Daniel McDonald, Rob Knight, Attila Szantner, and Jérôme Waldispühl.
Congrès de l'ACFAS, Mai 2023.

Borderlands Science: a new gaming-focused approach for large-scale citizen science video games

Roman Sarrazin-Gendron, BLS Consortium, Daniel McDonald, Rob Knight, Attila Szantner, and Jérôme Waldispühl.
Riboclub Annual Meeting, Magog, septembre 2022.

RNA 3D Module Identification in Sequences with Structural Context Sampling

Roman Sarrazin-Gendron, Hua-Ting Yao, Vladimir Reinharz, Carlos G Oliver, Yann Ponty, Jérôme Waldispühl.
Montreal AI Symposium, septembre 2020.

RNA 3D Module Identification by Structural Context Sampling

Roman Sarrazin-Gendron, Hua-Ting Yao, Vladimir Reinharz, Carlos G Oliver, Yann Ponty, Jérôme Waldispühl.
ISMB, juillet 2020

RNA 3D Module Identification in Sequences with Structural Context Sampling

Roman Sarrazin-Gendron, Hua-Ting Yao, Vladimir Reinharz, Carlos G Oliver, Yann Ponty, Jérôme Waldispühl.
RNA Meeting, juin 2020

Rapid Identification of RNA 3D Modules

Roman Sarrazin-Gendron, Hua-Ting Yao, Vladimir Reinharz, Carlos G. Oliver, Jérôme Waldispühl.
Riboclub Annual Meeting, Magog, septembre 2019.

Automated Identification of RNA 3D Modules

Roman Sarrazin-Gendron, Vladimir Reinharz, Carlos G. Oliver, Nicolas Moitessier, Jérôme Waldispühl.
Riboclub Annual Meeting, Magog, septembre 2018.

Télévision

Documentaire: Borderlands et le microbiome

Interviewé sur les aspects recherche du projet Borderlands Science
Série les informateurs, canal savoir, 2021, en ligne:
[Visionner en ligne](#)

Expérience enseignement

Chargé de cours, informatique UQAM

Automne 2023

BIF 7100: Ressources bioinformatiques et bioinformatique séquentielle
Bases de la génomique, alignement de séquences, biopuces, RNA-seq, phylogénie, avec emphase sur les ressources logicielles.
15 cours de 3h, répartis entre théorie et laboratoires

	Co-chargé de cours, informatique McGill	Automne 2021
	COMP 251: Algorithms and Data Structures (250 étudiants)	
	10 cours de 80 minutes sur les structures de données et algorithmes: heaps, AVL trees, shortest path, network flow, etc.	
	Co-chargé de cours, informatique McGill	Hiver 2020
	COMP 250: Intro to Computer Science (600 étudiants)	
	17 cours de 50 minutes sur les structures de données et les algorithmes: listes, arbres, heaps, binary search, sorting algorithms, etc.	
	Auxiliaire d'enseignement en chef, informatique (McGill)	2017-2022
	COMP250 (hiver 2018), COMP251 (Automne 2018, 2019, 2020)	
	Responsable de la communication avec les étudiants via emails et forum (groupes de 300 à 600), de la coordination des auxiliaires d'enseignement (6 à 13), de la préparation des devoirs, de l'évaluation des examens, de la correction des devoirs et de la vérification des cas de plagiat.	
	Auxiliaire d'enseignement, informatique (McGill)	2017-2022
	COMP 251: Algorithms and Data Structures	Hiver 2017
	COMP 202: Foundations of Programming	Été 2017
	COMP 250: Intro to Computer Science	Automne 2017
	COMP 364: Computer Tools for Life Sciences	Automne 2017
	COMP 564: Adv. Comp. Biol. Methods & Research	hiver 2019, 2021
	Heures de disponibilité, correction, préparation de devoirs et de quiz, sessions de labo, réponses aux questions des étudiants.	
Révision	Journal of Computational Biology	depuis 2023
	Workshop on Algorithms in Bioinformatics	depuis 2023
	Human Computation and Crowdsourcing	depuis 2022
	Montreal AI Symposium	depuis 2021
	Bioinformatics	depuis 2020
	F1000	depuis 2019
	ACM BCB	depuis 2018
	RECOMB	depuis 2018
	ISMB	depuis 2018
Contributions à la communauté	Président - Club d'échecs de McGill	2020-Présent
	Préparation et présentation de séminaires hebdomadaires, organisation de tournois, services aux membres du club, travail administratif	
	VP Externe - Club d'échecs de McGill	2013-2020
	Communication et lobbying auprès d'autres clubs et de la fédération québécoise des échecs, organisation de tournois.	
	Juge - McHacks	2019, 2021
	Observation de projets de hackathon, feedback aux participants, évaluation.	

Autre

Langues: français (maternelle) et anglais (avancé) parlés et écrits.

Nationalité canadienne

Expert d'échecs. Champion provincial par année scolaire (2009), champion ouvert du Québec section B 2010, 2013