

Jean MONLONG

Room 507A, Engineering 2, 1156 High St

Santa Cruz, CA 95064, USA

Email : jmonlong@ucsc.edu

Page en ligne : <https://jmonlong.github.io/>

Expériences professionnelles et projets

- 2018 –** [UNIVERSITY OF CALIFORNIA SANTA CRUZ](#), Santa Cruz, États-Unis.
Postdoctorat avec Benedict Paten sur l'utilisation des [graphes de variations](#).
- 2012 – 2018** [BOURQUE LAB](#), [McGill Genome Centre](#), Montreal, Canada.
Projet de doctorat. Implémentation d'une [méthode de détection de CNV](#) à partir de séquençage de génome. Application sur de larges cohortes de génomes normaux ou de malades.
- 2017** [CENTER FOR GENOMIC MEDICINE](#), Kyoto, Japon.
(3 mois) En échange dans le laboratoire du Dr. Matsuda, j'ai contribué à leur projets d'assemblage et séquençage de génomes japonais.
- 2017** [GENOMICS ENGLAND](#), Londres, Royaume-Uni.
(1.5 mois) En visite dans l'équipe bioinformatique du Dr. Rendon, j'ai contribué à leur pipeline d'analyse de variants structuraux.
- 2011 – 2012** [CENTER FOR GENOMIC REGULATION \(CRG\)](#), Barcelone, Espagne.
(1 an) Projet de fin d'études avec [Dr. Roderic Guigó](#). Analyse de l'épissage alternatif et de [QTLs associés](#) à partir de données RNA-seq. Participation aux projets [Geuvadis](#) et [GTEx](#).
- 2010** [NEOMADES](#), Bidart, France.
(3 mois) Implémentation d'un module Java pour leur produit principal.
- 2010** [ENSIMAG](#), Grenoble, France.
(1 mois) Estimation bayésienne du taux de sur-diagnostic du cancer du sein en collaboration avec l'hôpital de La Tronche.

Éducation

- 2012 – 2018** [UNIVERSITÉ MCGILL](#), Montréal, Canada.
Doctorat en Génétique Humaine avec [Dr. Guillaume Bourque](#).
- 2010 – 2011** [UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE CATALUNYA](#), Barcelone, Espagne.
Échange international à la Faculté de Mathématiques et Statistiques.
- 2008 – 2010** [ENSIMAG](#), Grenoble, France.
Diplôme d'ingénieur en **Informatique** et **Mathématiques**, spécialité **bioinformatique**.
- 2006 – 2008** [LYCÉE MICHEL MONTAIGNE](#), Bordeaux, France.
Classes préparatoires aux Grandes Écoles. Mathématiques and Physique.
- 2003 – 2006** [LYCÉE DE NAVARRE](#), St Jean-Pied-de-Port, 64, France.

Expertise

R, Java, C, Bash, Python, AWK, Perl, D3/Javascript/HTML/CSS.

Git, Linux, High Performance Computing, LaTeX, R/Markdown, Emacs.

Bioinformatique, Génomique, Transcriptomique.

Langues: Français; anglais (courant); espagnol (basique)..

Sélection d'article scientifiques

- 2019 G Hickey*, D Heller*, **J Monlong***, JA Sibbesen, J Siren, J Eizenga, E Dawson, E Garrison, A Novak, and B Paten. Genotyping structural variants in pangenome graphs using the vg toolkit. *bioRxiv*, 2019.
- 2018 **J Monlong**, P Cossette, C Meloche, G Rouleau, SL Girard, and G Bourque. Human copy number variants are enriched in regions of low mappability. *Nucleic Acids Research*, 2018.
- 2018 **J Monlong***, SL Girard*, ..., JL Michaud, G Rouleau, BA Minassian, G Bourque, and P Cossette. Global characterization of copy number variants in epilepsy patients from whole genome sequencing. *PLOS Genetics*, 2018.
- 2017 M Arseneault*, **J Monlong***, ..., M Lathrop, G Bourque, and Y Riazalhosseini. Loss of chromosome Y leads to down regulation of KDM5D and KDM6C epigenetic modifiers in clear cell renal cell carcinoma. *Scientific Reports*, 2017.
- 2015 M Melé, PG Ferreira, F Reverter, DS DeLuca, **J Monlong**, M Sammeth, ..., and The GTEx Consortium. The human transcriptome across tissues and individuals. *Science*, 2015.
- 2014 **J Monlong**, M Calvo, PG Ferreira, and R Guigó. Identification of genetic variants associated with alternative splicing using sQTLseeker. *Nature Communications*, 2014.
- 2013 T Lappalainen, M Sammeth*, MR Friedlander*, PA t Hoen*, **J Monlong***, MA Rivas*, and et al. Transcriptome and genome sequencing uncovers functional variation in humans. *Nature*, 2013.
- 2011 A Seigneurin, O Francois, J Labarere, P Oudeville, **J Monlong**, and M Colonna. Overdiagnosis from non-progressive cancer detected by screening mammography: stochastic simulation study with calibration to population based registry data. *BMJ*, 2011.

Sélection de présentations scientifiques

- 2017 QUEBEC, CANADA, Québec.
Présentation orale, *6th Annual Canadian Human and Statistical Genetics Meeting*.
- 2016 JAPON, Kyoto.
Présentation orale, *13th International Congress of Human Genetics*.
- 2014 ROYAUME-UNI, Cambridge.
Présentation orale à la conférence *Genome Informatics*.

Autres activités

- 2013-2018 UNIVERSITÉ MCGILL.
Organisateur et instructeur de 8 workshops “*Introduction to R and Bioinformatics*” workshops pour les étudiants en Génétique Humaine.
- 2014-2017 UNIVERSITÉ MCGILL.
VP Communication dans la *Société des Étudiants de Génétique Humaine*.
- 2016 KYOTO, JAPON.
Instructeur au “*4th Kyoto Course and Symposium on Bioinformatics for Next Generation Sequencing with Applications in Human Genetics*”.
- 2014 UNIVERSITÉ MCGILL.
Assistant à l’enseignement du cours “*Advanced Statistical Concepts in Genetic and Genomic Analysis*”.