

JACQUES SERIZAY

jacquesserizay@gmail.com | +33 6 99 09 59 47 | js2264.github.io/

Éducation

- **2016 – 2020 : PhD en Génétique – University of Cambridge, United Kingdom**
- **2016 : Master en Génétique – École Normale Supérieure de Paris-Saclay et Magistère Européen de Génétique, Université Paris Diderot**
- **2013 : Licence Biologie et Santé – École Normale Supérieure de Paris-Saclay**

Expériences de recherche

- 2016 - 2020
Thèse : University of Cambridge, UK
Julie Ahringer Lab

*Thèse : Spatiotemporal control of gene expression in *C. elegans**

Approches « multi-omic » (ChIP-seq, RNA-seq, ATAC-seq, MNase-seq), approches « single-cell » (single-cell RNA-seq et ATAC-seq), analyse / intégration / visualisation de données génomiques
- 2016
(5 mois)
Master : Institut Curie, France
Laboratoire de Raphaël Margueron : Mécanismes de répression par les protéines Polycomb

Projet : Functional role of BAP1 in the control of gene transcription

ChIP-seq, SILAC & spectrométrie de masse, analyse / intégration / visualisation de données génomiques
- 2014 - 2015
(10 mois)
Année de recherche à l'étranger : University of California Los Angeles, USA
Kathrin Plath Lab

Projet : Importance of Xist repeats and their interacting proteins for the initiation of X Chromosome Inactivation.

RNA Antisense Purification (RAP-seq), Nascent-RNA sequencing, DNA/RNA-FISH, analyse / intégration / visualisation de données génomiques
- 2014
(2 mois)
Stage : University of Navarra, Spain
Maite Huarte Lab

Projet : Long intergenic non-coding RNA frequently amplified or deleted in cancerous cells play a role in cancer phenotypes.

RT-qPCR, analyse / intégration / visualisation de données génomiques
- 2013
(2 mois)
Stage : Institut Curie, France
Laboratoire de Edith Heard : Épигénétique du développement des mammifères

Projet : Study of random monoallelic expression of autosomal genes.

Expérience entrepreneuriale

- 2018 – 2019
(5 mois)
EnterpriseTECH PhD+ program
Cambridge Judge Business School – University of Cambridge, UK

Distributed ledger for genomic data: opportunities & road to market.
Client : Cambridge Cancer Genomics

Qualifications

| | |
|---------------------------------|---|
| Compétences informatiques | Environnement Linux, High-Performance Computing Bash (avancé) R (expert) Python (intermédiaire) Reproductibilité d'analyse : Nextflow , Snakemake, Docker, Singularity Designer / administrateur Web : HTML, CSS (intermédiaire) |
| Compétences bio-informatiques | R/Bioconductor Analyse de données génomiques (RNA / ATAC / ChIP / autres) Intégration de différents types de données génomiques Automatisation de pipelines bio-informatiques |
| Analyse de données | Data mining et visualisation de données (R, Python) Dashboards interactifs (Shiny, Dash) Banques de données SQL (sqlite3, MySQL) |
| Anglais Français Espagnol | Courant (TOEFL 2016 : 110/120) Natif Intermédiaire |

Prix et financements

| | |
|------|--|
| 2018 | Premier prix du hackathon de génomique > sudo: sequence . Conceptualisation et création d'une plateforme de visualisation de données génomiques de patients, visant à faciliter la prise de décision par des cliniciens non-experts. |
| 2016 | Medical Research Council Doctoral Training Grant School of Biological Sciences PhD funding Sackler Fund (£6,000) Diplôme de l'École Normale Supérieure de Paris-Saclay |
| 2015 | Diplôme de l'Institut Pasteur, formation « Analyse des génomes » |

Autres expériences

| |
|--|
| Analyse de revenus de box-office mondiaux – https://github.com/js2264/moviestats |
| Co-fondateur de Fovea Paris, microentreprise de bijoux fabriqués à la main – https://foveaparis.com/ |

Références

| | |
|----------------|------------------------|
| Julie Ahringer | ja219@cam.ac.uk |
| Kathrin Plath | kplath@mednet.ucla.edu |
| Maite Huarte | maitehuarte@unav.es |

Communication scientifique

| | | |
|-----------------------------|--|--|
| Publications | En préparation : | Generating fragment density plots in R/Bioconductor with VplotR, <u>Jacques Serizay</u> |
| | | periodicDNA: an R package to investigate oligonucleotide periodicity, <u>Jacques Serizay</u> , Julie Ahringer |
| | In press : | Tissue-specific profiling reveals distinctive regulatory architectures for ubiquitous, germline and somatic genes, <u>Jacques Serizay</u> , Yan Dong, Jürgen Jänes, Michael Chesney, Chiara Cerrato, Julie Ahringer <i>Genome Research</i> (preprint : 10.1101/2020.02.20.958579) |
| | 2020 | A protein assembly mediates Xist localization and gene silencing, Amy Pandya-Jones, Yolanda Markaki, <u>Jacques Serizay</u> , Tsotne Chitashvili, Walter Mancia, Andrey Damianov, Costantinos Chronis, Bernadett Papp, Chun-Kan Chen, Robin McKee, Xiao-Jun Wang, Anthony Chau, Shan Sabri, Heinrich Leonardt, Sika Zheng, Mitchell Guttman, Douglas L. Black and Kathrin Plath <i>Nature</i> (in press) |
| | | Analysis of copy number alterations reveal the lncRNA ALAL-1 as a regulator of lung cancer immune evasion, Alejandro Athie, Francesco Marchese, Jovanna Gonzalez, Teresa Lozano, Ivan Raimondi, Prasanna Juvvuna, Amaya Abad, Oskar Marin-Bejar, <u>Jacques Serizay</u> , Dannys Martinez, Daniel Ajona, Maria Pajares, Juan Sandoval, Luis Montuenga, Chandrasekhar Kanduri, Juan Lasarte, and Maite Huarte <i>Journal of Cell Biology</i> (10.1083/jcb.201908078) |
| | 2018 | Genome organization at different scales: nature, formation and function, <u>Jacques Serizay</u> and Julie Ahringer <i>Current Opinion in Cell Biology</i> (10.1016/j.ceb.2018.03.009) |
| | | Chromatin accessibility dynamics across <i>C. elegans</i> development and ageing, Jurgen Janes [§] , Yan Dong [§] , Michael Schoof [★] , <u>Jacques Serizay</u> [★] , Alex Appert, Chiara Cerrato, Carson Woodbury, Ron Chen, Carolina Gemma, Ni Huang, Djem Kissiov, Przemyslaw Stempor, Annette Steward, Eva Zeiser, Sascha Sauer, Julie Ahringer <i>Elife</i> (DOI: 10.7554/eLife.37344) |
| Communication scientifique | 2020 | Systems Biology: Global Regulation of Gene Expression [CSHL] (Poster) (Sélectionné) |
| | 2019 | International <i>C. elegans</i> Conference [UCLA] (Talk) (Sélectionné) |
| | 2018 | Research in Genetics Conference [Cambridge] (Poster) |
| | 2017 | sciLife / LMB Bioscience Symposium [Cambridge University, UK] (Poster) (Sélectionné) International <i>C. elegans</i> Conference [UCLA] (Poster) (Sélectionné) Conference on Everything [Cambridge University, UK] (Poster) (Sélectionné) Shell Research Prize [Cambridge University, UK] (Poster) (Sélectionné) |
| Ressources bioinformatiques | periodicDNA | https://github.com/js2264/periodicDNA/ – R package to study k-mers periodicity at small and large scale in genomes |
| | VplotR | https://github.com/js2264/VplotR/ – R package to easily generate V-plots of paired-end sequencing data |
| | RegAtlas | https://ahringerlab.com/RegAtlas/ – Developmental and tissue-specific regulatory atlas in <i>C. elegans</i> |
| | <i>Caenorhabditis elegans</i> genome browser | https://ahringerlab.com/Browser/ – Genome browser for exploratory data analysis of developmental and tissue-specific chromatin organization in <i>C. elegans</i> |
| Enseignement | | Introduction to Multi-omics Data Integration and Visualisation (European Bioinformatics Institute / EMBL) |
| | | 1A Biology of the Cells (University of Cambridge, UK) |
| | | Supervision d'étudiants Master (4~6 mois de stage en laboratoire) |
| | | 1 ^{ère} année BTS Biotechnologie (Gif s/ Yvette, France) |