

## **Compétences**

**Langages et technologies:** Java (Swing, Android SDK), PHP (avec Symfony2), JavaScript (jQuery, Ajax), HTML5/CSS3 (Bootstrap Twitter, Semantic UI, Responsive Design), Python (Django, Scipy, Biopython, Flask), Base de données (MySQL, SQLite), Matlab, Perl, PHP.

**Centres d'intérêts:** Phylogénétique, séquençage et annotation de génomes, théorie des graphes, réseaux biologiques, apprentissage machine, évolution de familles de gènes.

## **Formation**

**Doctorat en Bio-informatique**  
Université de Montréal

Automne 2014 - présent

**Baccalauréat en Bio-informatique**  
Université de Montréal

Automne 2011 - Hiver 2014

## **Expérience en enseignement**

**Auxiliaire d'enseignement**  
IFT3295 - Bio-informatique génomique

Automne 2015

**Auxiliaire d'enseignement**  
IFT1065 - Structures discrètes en informatique

Hiver 2015

**Auxiliaire d'enseignement**  
BCM 2002 - T.P. de biologie moléculaire

Automne 2014

## **Expérience en recherche**

**Auxiliaire de recherche (Montréal, Canada)**  
Développement de profileNJ, un outil de correction d'arbres.  
*Laboratoire de Biologie Informatique et Théorique, DIRO*  
*Université de Montréal*

Février 2014 - Août 2014

**Auxiliaire de recherche (Montréal, Canada)**  
Développement d'outils de quantification d'ARNs en 2D et en 3D  
*Laboratoire Zenklusen, Département de Biochimie*  
*Université de Montréal*

Juin 2013 - Janvier 2014

**Stagiaire de recherche (Montréal, Canada)**  
Modélisation 3D d'une ARN ligase identifiée in silico chez *D. papillatum*.  
*Centre Robert-Cedergren*  
*Université de Montréal*

Juin 2012 - Août 2012

## **Implication académique**

**Organisation du premier Bio-hackathon de l'Université de Montréal**  
*Planification de l'évènement, Création du site internet, promotion sur les réseaux sociaux, accueil des participants et des professeurs.*

Mai 2015

**Vice-président aux communications**  
Association des Étudiants de Bio-Informatique de l'Université de Montréal (AEBINUM)

2014 - présent

## **Participation à des comités d'arbitrage d'articles scientifiques**

### ***Sub-Reviewer pour RECOMB-CG 2015***

19th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology

### ***Sub-Reviewer pour RECOMB 2016***

20th Annual International Conference on Research in Computational Molecular Biology

### ***Sub-Reviewer pour APBC 2016***

14th Asia Pacific Bioinformatics Conference

## **Publications**

- Noutahi, E., Semeria, M., Lafond, M., Seguin, J., Boussau, B., Guéguen, L., & Tannier, E. (2015). *Efficient gene tree correction guided by species and synteny evolution*.
- Moreira, S., Noutahi, E., Lamoureux, G., & Burger, G. (2015). Three-dimensional structure model and predicted ATP interaction rewiring of a deviant RNA ligase 2. *BMC structural biology*, 15(1), 20.

### **Articles de conférences avec comité de lecture**

- Rahman S., Zorca C., Noutahi E., Zenklusen D. *Dissecting eRNA mediated transcription regulation in single cells*. RNA and Epigenetics (p315–321) 19th Annual Meeting of the RNA Society (2014).

### **Posters pour conférences avec comité de lecture**

- Lafond M., Noutahi E., Séguin J., Semeria M., El-Mabrouk N., Gueguen L., Tannier E. *Gene Tree Correction with TreeSolver*. Recomb-CG (2014).
- El-Mabrouk N., Gueguen L., Lafond M., Noutahi E., Séguin J., Semeria M. and Tannier E. *Genome-wide gene tree correction*. ECCB'14 (2014).