

Sylvie Hamel
Département d'informatique et de recherche opérationnelle
Université de Montréal, Pavillon André-Aisenstadt
CP 6128 succ. Centre-Ville
Montréal, Québec, H3C 3J7

(514) 343-6111(13504)

INFORMATIONS GÉNÉRALES:

NATIONALITÉ: Canadienne

SEXE: Féminin

COURRIEL: hamelsyl@iro.umontreal.ca

OCCUPATION ACTUELLE: Professeure titulaire, Département d'informatique et de recherche opérationnelle, Université de Montréal

LANGUES PARLÉES/ÉCRITES: Français, anglais.

SCOLARITÉ

2002-2003 Stage postdoctoral, Informatique théorique, Université McGill

1998-2002 Doctorat en Mathématiques, option informatique, Université du Québec à Montréal

1997-1998 Étudiante au Doctorat(*), Massachusetts Institute of Technology

1996-1997 M.S. en Combinatoire, Université du Québec à Montréal

1993-1996 B.S. en Mathématiques, Université du Québec à Montréal

(*) Le changement d'université au niveau du doctorat s'est fait pour des raisons personnelles et non professionnelles.

Thèse de doctorat

S. Hamel, *Algorithmes vectoriels et bioinformatique*, Université du Québec à Montréal, 2002.

Mémoire de maîtrise

S. Hamel, *Représentations bigraduées et polynômes de Macdonald*, Université du Québec à Montréal, 1997.

BOURSES

09/03 - 09/08 CRSNG APU, Université de Montréal, 40 000\$ par année

09/02 - 08/03 CRSNG Postdoctorat, Université McGill, 35 000\$

09/01 - 04/02 ISM Doctorat, Université du Québec à Montréal, 12 000\$

01/01 - 12/01 FCAR Doctorat, Université du Québec à Montréal, 20 000\$

09/98 - 12/00 CRSNG Doctorat, Université du Québec à Montréal, 19 000\$ par année

09/97 - 08/98 FCAR Maîtrise, Massachusetts Institute of Technology, 11 000\$

09/96 - 08/97 CRSNG Maîtrise, Université du Québec à Montréal, 15 500\$

05/95 - 09/95 Bourse d'été du CRSNG, Université du Québec à Montréal, 4 000\$

05/94 - 09/94 Bourse d'été du CRSNG, Université du Québec à Montréal, 4 000\$

EXPÉRIENCE PROFESSIONNELLE

- 05/15 - **Professeure titulaire**, Département d'informatique et de recherche opérationnelle, Université de Montréal
- 05/08 - 04/15 **Professeure agrégée**, Département d'informatique et de recherche opérationnelle, Université de Montréal
- 12/11 **Professeure invitée**, Université Marne-La-Vallée
- 01/11 - 06/11 **Professeure invitée**, LaCIM, Université du Québec à Montréal
- 09/10 - 11/10 **Professeure invitée**, Université Paris-Sud, Orsay, fondation DIGITEO
- 05/08 - 06/08 **Professeure invitée**, Université Marne-La-Vallée
- 08/03 - 05/08 **Professeure adjointe**, Département d'informatique et de recherche opérationnelle, Université de Montréal
- 07/03 - 08/03 **Professeure invitée**, Summer Program for Women in Mathematics, George Washington University
- 09/00 - 04/02 **Chargée de cours**, UQAM
- 05/01 - 09/01 **Coordonnatrice d'un stage en bioinformatique**, UQAM
- 07/98 - 08/98 **Auxiliaire d'enseignement**, Summer Program for Women in Mathematics, George Washington University

AUTRES TITRES

- 2010 - **aujourd'hui** Membre du Laboratoire International Franco-Québécois de Recherche en Combinatoire (LIRCO)
- 05/05 - **aujourd'hui** Membre régulier du Centre de Recherche Mathématiques (CRM)
- 01/04 - **aujourd'hui** Membre régulier du Laboratoire de Combinatoire et d'Informatique Mathématique (LACIM), UQAM

DIRECTION D'ÉTUDIANTS

Ph.D. en informatique:

Marie Gasparoux, Shielding optimization for brachytherapy, cotutelle avec Guillaume Blin de l'Université de Bordeaux, 3ième cycle, boursière française, début: octobre 2015, en cours.

Robin Milosz, Étude combinatoire et algorithmique de la médiane de permutations sous la distance de Kendall- τ , 3ième cycle, boursier FQRNT, début: janvier 2016, prédoc 1 réussi, en cours.

Fehmi Jaafar, Analysing Artefacts Dependencies to Evolving Software Systems, co-direction avec Yann-Gaël Guéhéneuc, **obtenu: soutenance le 12 décembre 2013.**

Karine St-Onge, Quantification de la relation séquence-activité de l'ARN par prédiction de structure tridimensionnelle, co-direction avec François Major, boursière FQRNT, **obtenu: soutenance le 18 décembre 2012.**

Salima Hassaine, **boursière FQRNT**, Evaluating Design Decay during Software Evolution, co-direction avec Yann-Gaël Guéhéneuc, **obtenu: soutenance le 17 décembre 2012.**

Jean-Philippe Doyon, boursier Génome Québec, Algorithmes pour la réconciliation d'un arbre de gènes avec un arbre d'espèces, co-direction avec Cedric Chauve, Mathématiques, Simon Fraser University et Hervé Philippe, Biochimie, Université de Montréal, **obtenu: soutenance le 13 avril 2010.**

Maîtrise en bioinformatique:

Louis-Philip B. Brouvette, Analyse de la corrélation conditionnelle dérivée de la coévolution d'un système de trois gènes par un modèle de maximum de vraisemblance, co-direction avec Miklós Csurös, **obtenue 2011.**

Zia Mohaddes, Modeling protein evolution using secondary structures, co-direction avec Andreea-R. Schmitzer, Chimie, Université de Montréal, **obtenue août 2010.**

Mohamed Tikah Marrakchi, boursier BiT, Helix Explorer: Une nouvelle base de données de structures de protéines, co-direction avec Andreea-Ruxandra Schmitzer, Chimie, Université de Montréal, **obtenue août 2006.**

Valentin Guignon, boursier Génome Québec, Algorithme de comparaison de structures secondaires d'ARN, co-direction avec Cedric Chauve, Informatique, UQAM), **obtenue mars 2006.**

Maîtrise en informatique:

Charles Desharnais, $\mathcal{A} = \mathcal{M}(\mathcal{A})$, directrice, début janvier 2016, en cours.

Robin Milosz, **boursier FQRNT**, Différents problèmes de médianes, directrice, **obtenu décembre 2015**

Pierre-Alexandre Ladouceur, Alignement de séquences génomiques et de séquences consensus par programmation dynamique, directrice, **obtenue décembre 2007.**

Maxime Benoit-Gagné, De nouveaux algorithmes de tri par transpositions, directrice, **obtenue septembre 2007.**

Olivier Kaczor, Application d'algorithmes de bio-informatique la recherche de patrons de conception, co-direction avec Yann-Gaël Guéhéneuc, **obtenue août 2006.**

Stages ou autres:

Annelyse Thevenin, étudiante au doctorat à l'université Paris-Sud, Collaboration France-Québec: réarrangement génomique, encadrement du stage au Québec, novembre-décembre 2006

Sébastien Angibaud, étudiant au doctorat à l'université de Nantes, Collaboration France-Québec: réarrangement génomique, encadrement du stage au Québec, novembre-décembre 2006

Maxime Benoît-Gagné, Distance de transpositions de génomes, stage dans le cadre d'un DESS en bioinformatique de l'UQAM, été 2004.

Stages étudiants sous-gradués:

Charles Desharnais, Université de Montréal, Étude d'ensembles auto-médians, été 2015.

Louis Gauthier, Université de Montréal, Étude de médianes de gnomes sous la distance DCJ, **boursier CRSNG**, été 2015.

Zararia Soloman, Université de Montréal, Étude de la variation du nombre de médianes d'ensembles de permutations, **boursier CRSNG**, été 2014.

Robin Milosz, Université de Montréal, Études de tris avec égalités, **boursier CRSNG**, été 2013

Robin Milosz, Université de Montréal, Algorithmes probabilistes et bioinformatique, **boursier CRSNG**, été 2012

Baptiste Saleil, Université Montpellier II, Propriétés ensemblistes des médianes, stage IUT informatique, hiver 2010

Vivien Prouvot, Université Montpellier II, Propriétés ensemblistes des médianes, stage IUT informatique, hiver 2010

Kelsey Lang, Victoria University, Median of three problem, **CRAW rewards**, été 2009

Quentin Dejean, Université Montpellier II, Median of three problem, stage DUT informatique, hiver 2009

Anthony Estebe, Université Montpellier II, Median of three problem, stage DUT informatique, hiver 2009

Zia Mohaddes, Recherches d'hélices α , stage de recherche fin de baccalauréat bioinformatique, été 2007.

Jean-Philippe Goulet, Alignements multiples de structures secondaires, stage de recherche fin de baccalauréat bioinformatique, été 2007.

Vincent Normandeau-Babin, Étude statistique sur les hélices α , stage de recherche fin de baccalauréat bioinformatique, été 2006.

Marc-André Ferland, Élaboration d'une grammaire de graphe pour les tARN (avec François Major), **boursier CRSNG**, été 2005.

Caroline Quinn, Distance de transpositions de génomes, **boursière CRSNG**, été 2004.

Marc-André Ferland, Développement d'un constructeur de structures de protéines, avec François Major, **boursier CRSNG**, été 2004.

PARTICIPATION À DES JURYS

Thèses:

Sahar Parto, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Bayesian codon models for detecting convergent molecular adaptation, président-rapporteur, demandes de corrections majeures, 30 novembre 2016.

Mohamed Aymen Saied, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Inferring API usage patterns and constraints: A holistic approach, présidente du jury, 3 novembre 2016.

Billel Benzaid, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Evolution des génomes par mutations locales et globales - Une approche d'alignement, membre du jury, 20 octobre 2016.

Manuel Lafond, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Algorithmes de construction et correction d'arbres de gènes par la réconciliation, présidente du jury, 26 août 2016.

Diala Abd-Rabbo, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Beyond hairballs: Depicting complexity of a kinase-phosphatase network in the budding yeast, président-rapporteur, demandes de corrections majeures, mai 2016.

Olivier Tremblay-Savard, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Études de l'évolution des génomes par duplications, pertes et réarrangements, présidente du jury, 22 janvier 2014.

Michaël Cadilhac, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Automates à contraintes semilinéaires/Automata with semilinear constraints, membre du jury, 18 mars 2013.

Claude Codjia, Faculté des Arts et Sciences - Géographie, Caractérisation des occupations du sol en milieu urbain par imagerie radard, représentant du Doyen, 23 janvier 2013.

Abdou Maiga, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Design smells in the context of agile software development, représentante de la directrice de thèse, 28 novembre 2012.

Philippe Hamel, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Apprentissage de représentations musicales à l'aide d'architectures profondes et multiéchelles, membre du jury, 9 août 2012.

Dong Hyun Kim, School of Computer Science - McGill University, Deconvolution of PPI networks: approximation algorithms and optimization techniques, examinateur externe, juillet 2012.

Adrien Lemaître, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Complexité des homomorphismes de graphes avec listes, présidente du jury, 14 juin 2012.

Béatrice Roure, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Amélioration de l'exactitude de l'inférence phylogénomique, présidente du jury, 25 juillet 2011.

Guizlane El Boussaidi, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Développement logiciel par transformation de modèles, membre du jury, 9 février 2010.

Annelyse Théverin, Université Paris Sud XI, Réarrangement génomiques en présence de duplications : approximation et complexité paramétrique, Automne 2009, membre du jury, 6 novembre 2009.

Yan Zhou, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Modeling Heterotachy in phylogenetics, Été 2009, président-rapporteur, 27 août 2009.

Florence Laure Magnifo Kahou, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Propriétés algébriques d'une algèbre de convolution, Hiver 2009, représentante du doyen, 22 avril 2009.

Viet Thang Pham, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Méta-modélisation de l'adaptation dynamique du contrôle des systèmes multi-agents, Été 2007, membre du jury, 7 septembre 2007.

Emmanuelle Permal, Faculté des études supérieures-Bioinformatique, Étude de la structure des ARNs viraux, Été 2007, président-rapporteur, 7 août 2007.

Mémoires:

Gabriel C-Parent, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Unfolding RNA 3D Structures For Secondary Structure Prediction Benchmarking, président-rapporteur, 1 mars 2017.

Yann Olboudo, Faculté de Médecine-Bioinformatique, The genetic of red blood cell density, a biomarker of clinical severity in sickle cell disease, président-rapporteur, 15 février 2017.

Illunga Benjamin Matala, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Une correction à l'échelle et progressive des données Hi6C révèlent des principes fondamentaux de l'organisation tridimensionnelle et fonctionnelle du génome, président-rapporteur, demandes de corrections majeures, mars 2016, accepté 2 novembre 2016.

Kyle Kastner, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Structured prediction and generative modeling using neural networks, président-rapporteur, 30 septembre 2016.

Shohre Zehtabian, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Development of new scenario decomposition techniques for linear and nonlinear stochastic programming, membre, 27 juin 2016

Sèton Steven Bocco, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Évolution à fin échelle des sites d'épissage des introns dans les gènes des oomycètes, président-rapporteur, septembre 2015.

Sylvain Roux, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Détection de mouvement par modèle biologique de fusion de donnée inspiré de la rétine humaine, membre du jury, septembre 2015.

Jean-François Thérooux, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Développement de méthodes d'assemblage de génomes de novo adaptées aux bactéries endosymbiotes, président-rapporteur, mai 2015.

Jacques Boisvert, Faculté de Médecine-Bioinformatique, A robust algorithm for segmenting fluorescence images and its application to single-molecule counting, président-rapporteur, octobre 2014.

Patrick Baril-Robichaud, Faculté Arts et Sciences-DIRO, SAND: un chiffrement symétrique trs grandes S-Boxes, membre du jury, 2014.

Amell El Korbi, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Identification des caractéristiques communes et rares des ARN structurés dans la base de données Rfam, président-rapporteur, janvier 2014.

Benjamin Matala Ilunga, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Rôle de la régulation de la transcription dans la colocalisation des gènes dans l'espace, en se basant sur des données d'interaction ADN-ADN (chromosome conformation capture, ou 3C), chez la levure, membre du jury, décembre 2013.

Éric David Thibodeau-Laufer, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Évaluation de modèles d'apprentissage pour le matchmaking, président-rapporteur, 18 octobre 2013.

Raphael Poujol, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Estimation des corrélations phylogénétiques entre paramètres d'évolution moléculaire et traits d'histoire de vie, président-rapporteur, 31 janvier 2013.

Yves Gagnon, Faculté des études supérieures-Bioinformatique, Algorithmes pour la reconstruction de génomes ancestraux, président-rapporteur, 5 juillet 2012.

Ligia-Andreea Doroftei, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Évolution de famille de gènes par duplications et pertes, Hiver 2012, président-rapporteur, 20 janvier 2012.

Caroline Louis-Jeune, Faculté des études supérieures-Bioinformatique, Représentation et recherche de motifs cycliques et structuraux d'ARN connus dans les structures secondaires, Été 2009, membre du jury, 23 juillet 2009.

Benjamin Provencher, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Recherche d'éléments répétés par analyse des distributions de fréquences d'oligonucléotides, Été 2009, président-rapporteur, 30 juin 2009.

Gerardo Cepeda Porras, faculté Arts et Sciences-DIRO, Étude de la compréhension des diagrammes de classes UML, Automne 2008, membre du jury, 7 octobre 2008.

Wafae El Alaoui, Faculté de Médecine-Bioinformatique, Estimation des longueurs de branche et artefact sur la datation moléculaire, Automne 2008, président-rapporteur, 7 octobre 2008.

Fabrice Baro, Faculté des études supérieures-Bioinformatique, Transferts horizontaux de gènes chez les bactéries en utilisant une méthode phylogénétique, Été 2007, membre du jury, 5 juillet 2007.

Guy Larochelle, Faculté des études supérieures-Bioinformatique, Recherche d'une empreinte

phylogénétique reliée à la fonctionnalité des récepteurs couplés aux protéines G, Été 2007, président-rapporteur, 3 juillet 2007.

Benoît Thériault, faculté Arts et Sciences-DIRO, Reconnaissance des graphes policier-gagnants, Automne 2006, président-rapporteur, 30 octobre 2006.

Simon Pilette, faculté Arts et Sciences-DIRO, Programmes de génération et machines de Turing algébriques, Été 2006, membre du jury, 7 septembre 2006.

Ming Te Cheng, faculté Arts et Sciences-DIRO, Methods for multi-class segmentation of molecular sequences, Hiver 2006, membre du jury, 26 avril 2006.

Badis Merdaoui, faculté Arts et Sciences-DIRO, QUERI: un système de question-réponse collaboratif et interactif, Automne 2005, membre du jury, 21 octobre 2005.

Jian Hua Mai, faculté Arts et Sciences-DIRO, Collaboration in multi-agent system : contract net and beyond, Automne 2005, membre du jury, 27 octobre 2005.

Chabane Tibiche, faculté Arts et Sciences-DIRO, Prédiction des pré-miARN basée sur la conservation de structure dans les pri-miARN, Été 2005, président-rapporteur, 5 septembre 2005.

Linda Ait Mehedine, faculté Arts et Sciences-DIRO, Estimation de caractéristiques externes de qualité à partir de mesures d'attributs internes. Bilan et perspectives, Hiver 2005, membre du jury, 25 janvier 2005.

Philippe Thibault, faculté Arts et Sciences-DIRO, Modélisation tridimensionnelle des ARN par exploration de l'espace conformationnel et satisfaction de contraintes, Hiver 2004, membre du jury, 15 avril 2004.

Prédoc oral:

Hamdi Ben Abdessalam, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Analyse cérébrale dans un environnement de réalité virtuelle, président-rapporteur, 13 avril 2017.

Nathan Grosshans, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Applications and limits of recent branching program lower bounds, membre, fin aot 2016.

Emmanuel Noutahi, Faculté de médecine-Bioinformatique, Algorithme pour l'étude de l'évolution des familles de gènes, président-rapporteur, 13 juin 2016.

Zeineb Kermansaravi, Département de génie informatique et de génie logiciel, Ecole Polytechnique de Montréal, Software Design Smells: Propagation and Impact Analysis, membre, 29 avril 2016.

Nabil Zaïd, Faculté de médecine-Bioinformatique, Coverage rate of ADME genes from commercial genotyping and sequencing assays / selecting SNPs for pharmacogenomics uses, président-rapporteur, 25 février 2016.

Mathieu Dupont, Faculté Arts et Sciences-DIRO, président-rapporteur, 19 novembre 2015.

Jennifer Kang, Faculté de médecine-Bioinformatique, Sequence Classification of Whole Genome Sequencing Data from the Arbuscular Mycorrhizal Fungi, président-rapporteur, 31 août 2015.

Philippe Lamontagne, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Sur les fondations du calcul sûr biparti dans le monde quantique, membre, 9 octobre 2014.

Manuel Lafond, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Approches génomiques de correction d'arbres de gènes, président-rapporteur, 27 août 2014.

Billel Benzaid, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Alignement de génomes par duplications, pertes et réarrangements, président-rapporteur, 5 septembre 2013.

Omar Benomar, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Compréhension de la dynamique des logiciels, président-rapporteur, 25 janvier 2013.

Nicolas Girard, Faculté de médecine-Bioinformatique, Modélisation à haute résolution et ingénierie rationnelle du ribozyme VS de Neurospora, président-rapporteur, 20 décembre 2012.

Olivier Tremblay-Savard, Faculté de médecine-Bioinformatique, Distances de duplications de génomes, Automne 2011, membre du jury, 24 novembre 2011.

Claude Gravel, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Complexité de la communication quantique et simulation d'intrication, président-rapporteur, 27 avril 2010.

Mathieu Courcelles, Faculté de médecine-Bioinformatique, Analyse du phosphoprotéome, Automne 2009, membre du jury, 9 novembre 2009.

Adrien Lemaître, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Étude de la complexité des homomorphismes avec listes vers les graphes orientés réflexifs, Automne 2009, membre du jury, 11 septembre 2009.

Konstantin Bokov, Faculté de médecine-Bioinformatique, A hierarchical model for evolution of 23S ribosomal RNA, Été 2009, membre du jury, première partie: 7 août 2009, deuxième partie: 17 septembre 2009.

Jean-Eudes Duchesne, Faculté de médecine-Bioinformatique, Recherche rapide de motif d'ARNs par méthode d'indexation, Automne 2008, membre du jury, 17 décembre 2008.

Marc Parisien, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Un nouveau paradigme pour le repliement des acides ribonucléiques, Hiver 2007, membre du jury, 26 avril 2007.

Félix Doyon, Faculté de médecine-Bioinformatique, Étude des interactions entre les boucles D et T chez les ARNs de transfert, Hiver 2006, membre du jury.

Emmanuelle Permal, Faculté de médecine-Bioinformatique, Étude de la structure des ARN viraux, Hiver 2006, membre du jury.

Anne Broadbent, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Parallelization in the measurement-based model for quantum computing, Hiver 2006, membre du jury, 27 avril 2006.

Jean-François Bérubé, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Problèmes de tournées sur des graphes avec plusieurs objectifs, Été 2005, membre du jury, 30 août 2005.

Mehdi Adda, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Personnalisation Web; Prospection de patrons de comportement, Hiver 2005, membre du jury, 9 mai 2005.

Mario Perron, Faculté Arts et Sciences-DIRO, Utilisation des expressions régulières pour représenter les familles topologiques des protéines, Hiver 2004, membre du jury, 21 avril 2004.

PROJETS DE RECHERCHE SUBVENTIONNÉS

Titre	Organisme	Type	Rôle	\$/an	Dates
Algorithmic and combinatorial studies inspired by problems of comparative genomics	CRSNG Subvention découverte	Individuelle	Fonctionnement	18 000\$	2016-2021
Centre de Recherche Mathématiques	FRQNT	Regroupement stratégique	Fonctionnement et équipement	408 000\$	2015-2021
Infrastructure LaCIM	UQAM	Laboratoire	Fonctionnement	57 000\$	2015-2020
LIA - Laboratoire International Franco-Québécois de Recherche en Combinatoire	CNRS	Regroupement	Fonctionnement	28 600\$	2015-2018
Cotutelle's doctoral grant	U.Bordeaux	Équipe	Fonctionnement	17 350\$	2015-2018
Réseau Franco-Québécois de recherche sur l'ARN	FQRNT	Équipe	Fonctionnement	15 500\$	2014-2016
Algorithmic and combinatorial studies inspired by problems of comparative genomics	CRSNG Subvention découverte	Individuelle	Fonctionnement	20 000\$	2011-2016
Centre de Recherche Mathématiques	FRQNT	Regroupement stratégique	Fonctionnement et équipement	605 000\$	2009-2015
LIA - Laboratoire International Franco-Québécois de Recherche en Combinatoire	CNRS	Regroupement	Fonctionnement	28 600\$	2011-2014
Infrastructure LaCIM	UQAM	Laboratoire	Fonctionnement	60 000\$	2009-2014
Application d'algorithmes de bioinformatique à l'analyse des programmes et leur évolution	FQRNT Projet de recherche en équipe	Équipe: avec Yann-Gaël Guéhéneuc	Fonctionnement et Équipement	47 000\$ 14 000\$	2007-2010 2007-2008
Recherche et comparaison de séquences et de motifs biologiques	CRSNG Subvention découverte	Individuelle	Fonctionnement	19 000\$	2006-2011
Dans le cadre du renouvellement de ma bourse APU du CRSNG	FAS: Fonds appui au financement d'étudiants	Individuelle	Fonctionnement	20 000\$	2006-2008
Algorithmes et outils informatiques pour la détermination et l'analyse des motifs de l'ARN non codant	Collabo. France-Québec	Équipe: F. Major et E. Westhof	Fonctionnement (Déplacement)	10 000\$	2005-2007
Élaboration d'un îlot de visualisation pour l'étude, l'analyse et la comparaison de structures biologiques	FCI	Individuelle	Équipement	136 000\$	2005-2006
Infrastructure LaCIM	UQAM	Laboratoire	Fonctionnement	54 000\$	2004-2009

hline Titre	Organisme	Type	Rôle	\$/an	Dates
Algorithmes et langages vectoriels avec applications à la bioinformatique	FQRNT: Nouveaux Chercheurs	Individuelle	Fonctionnement et	15 400\$	2004-2007
			Équipement	43 680\$	2004-2005
Étude algébrique de certaines classes d'automates et applications d'algorithmes vectoriels à la bioinformatique	CRSNG Subvention découverte	Individuelle	Fonctionnement	18 000\$	2003-2006
Dans le cadre de ma bourse APU du CRSNG	FAS: Fonds appui au financement d'étudiants	Individuelle	Fonctionnement	20 000\$	2003-2006
	U. de M. Fonds d'installation	Individuelle	Fonctionnement	15 000\$	2003-2004

PUBLICATIONS

Livres

- S. Hamel, Algorithmes vectoriels et bioinformatique, Publications du Laboratoire de Combinatoire et d'Informatique Mathématiques, Volume 31, Montréal, 109 pages, Février 2004.

Articles dans des revues scientifiques (publiés, acceptés, soumis)¹:

1. R. Milosz et S. Hamel, *Space reduction constraints for the median of permutations problem*, **Journal of Discrete Applied Mathematics**, soumis mai 2016.
2. B. Brancotte, B. Yang, G. Blin, S. Cohen-Boulakia, A. Denise et S. Hamel, *Rank aggregation with ties: Experiments and Analysis*, **Very Large Data Bases Endowment**, Vol 8, no. 11, pp. 1202-1213, 2015.
3. **F. Jaafar**, Y-G. Guéhéneuc, S. Hamel, F. Khomh et M. Zulkernine, *Evaluating the impact of design pattern and anti-pattern dependencies on changes and faults*, **Empirical Software Engineering**, pp.1–36, 2015.
4. M.F. Blanchet, **K. St-Onge**, V. Lisi, J. Robitaille, S. Hamel et F. Major, *Computational identification of RNA functional determinants by three-dimensional quantitative structure-activity relationships*, **NAR (Nucleic Acid Research)**, early publication, doi:10.1093/nar/gku816, 21 pages + 16 pages (matriels supplmentaires). septembre 2014.

¹Les noms en caractères gras sont mes étudiants gradués. L'ordre des auteurs est alphabétique sauf lorsque l'article est écrit avec un étudiant qui est alors placé en début de liste. La contribution de chaque auteur est considérée équivalente.

5. **F. Jaafar**, Y-G. Guéhéneuc, S. Hamel et G. Antoniol, *Detecting Asynchrony and Dephase Change Patterns by Mining Software Repositories*, **Journal of Software: Evolution and Process**, Vol 26, Issue 1, pp. 77–106, 2014.
6. **F. Jaafar**, Y-G. Guéhéneuc, S. Hamel et F. Khomh, *Analysing Anti-patterns Static Relationships with Design Patterns*, **Electronic Communications of the EASST**, Volume 59: Patterns Promotion and Anti-patterns Prevention, 26 pages, 2013.
7. **J.P. Doyon**, C. Chauve et S. Hamel, *An efficient method for exploring the space of gene tree/species tree reconciliations in a probabilistic framework*, **IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics**, Vol.9, No. 1, pp. 26–39, 2012.
8. A. Ouangraoua, **V. Guignon**, S. Hamel et C. Chauve, *A new algorithm for aligning nested arc-annotated sequences under arbitrary weight schemes*, **Theoretical Computer Science**, Volume 412, Issues 8-10, pp. 753–764, 2011.
9. G. Blin, M. Crochemore, S. Hamel et S. Vialette, *Medians of an odd number of permutations*, **Pure Mathematics and Applications**, Volume 21, Issue 2, pp. 161–175, 2010.
10. **O. Kaczor**, Y-G. Guéhéneuc et S. Hamel, *Identification of design motifs with pattern matching algorithms*, **Inform. Softw. Technol.**, 52(2), pp.152–168, 2010.
11. **J.P. Doyon**, C. Chauve et S. Hamel, *Space of Gene/Species Trees Reconciliations and Parsimonious Models*, **Journal of Computational Biology**, 16(10), pp. 1399–1418, 2009.
12. **K. St-Onge**, P. Thibault, S. Hamel et F. Major, *Modeling and Aligning the Sarcin-Ricin Motif by Graph-Grammars*, **Nucleic Acid Research**, 35(5), pp.1726–1736, 2007.
13. A. Bergeron et S. Hamel, *From cascade decomposition to bit-vector algorithms*, **Theoretical Computer Science**, 313, pp. 3–16, 2004.
14. S. Brlek, S. Hamel, M. Nivat et C. Reutenauer, *On the Palindromic Complexity of Infinite Words*, in J. Berstel, J. Karhumaki, D. Perrin, Eds, *Combinatorics on Words with Applications*, **International Journal of Foundation of Computer Science**, 15(2), pp. 293–306, 2004.
15. A. Bergeron et S. Hamel, *Vector Algorithms for Approximate String Matching*, **International Journal of Foundations of Computer Science**, 13(1), pp. 53–66, 2002.
16. F. Bergeron et S. Hamel, *Intersections of modules related to Macdonald’s polynomials*, **Discrete Mathematics**, 217, pp. 51–64, 2000.

Articles dans des actes de colloques avec comité de lecture (publiés, sous presse ou acceptés, soumis):

17. A. Blondin-Massé, **M. Gasparoux**, S. Hamel et É. Vandomme, *Nearest constrained circular binary words*, soumis à SPIRE 2017 (24th International Symposium on String Processing and Information Retrieval 2017).

18. **R. Milosz** et S. Hamel, *Heuristics, Branch-and-Bound Solver and Improved Space Reduction for the Median of Permutations Problem*, accepté à IWOCA 2017 (28th International Workshop on Combinatorial Algorithms).
19. C. Desharnais et S. Hamel, *Medians of permutations : the automedian case*, accepté à PP2017 (15th International Conference on Permutation Patterns 2017).
20. **R. Milosz** et S. Hamel, *Medians of permutations : building constraints*, LNCS 9602, CALDAM 2016 (Second International Conference on Algorithms and Discrete Applied Mathematics, pp. 264–276, 2016. (Prix du meilleur article)
21. S. Hamel et **R. Milosz**, *Medians of permutations: when $A = \mathcal{M}(A)$* , proceedings of the **12th Permutation Pattern conference**, 4 pages, 2014.
22. **F. Jaafar**, Y-G. Guéhéneuc and S. Hamel, *Mining the Relationship Between Anti-Patterns Dependencies and Fault-proneness*, WCRE2013 (20th Working Conference on Reverse Engineering), pp. 351–360, 2013.
23. **F. Jaafar**, Y-G. Guéhéneuc and S. Hamel, *Analysing Anti-patterns Static Relationships with Design Patterns*, PPAP 2013 (First Workshop on Patterns Promotion and Anti-patterns Prevention), 6 pages, 2013.
24. **F. Jaafar**, **S. Hassaine**, Y-G. Guéhéneuc, S. Hamel et B. Adams, *On the Relationship Between Program Evolution and Fault-proneness: An Empirical Study*, CSMR 2013 (17th European Conference on Software Maintenance and Reengineering), pp.15-24, 2013.
25. X. Yang, F. Sikora, G. Blin, S. Hamel, R. Rizzi et S. Aluru, *An Algorithmic View on Multi-related-segments: a unifying model for approximate common interval*, TAMC 2012 (9th annual conference on Theory and Applications of Models of Computation), pp. 319–329, 2012.
26. **S. Hassaine**, Y.G. Guéhéneuc, S. Hamel et G. Antoniol, *ADvISE: Architectural Decay In Software Evolution*, CSMR 2012 (16th European Conference on Software Maintenance and Reengineering), pp. 267–276, 2012.
27. J. Azé, T. Bouquard, S. Hamel, A. Poupon et D.W. Ritchie, *Using Kendall- τ meta-bagging to improve Protein-Protein Docking predictions*, Lecture Notes in Bioinformatics 7036, PRIB 2011 (6th IAPR International Conference on Pattern Recognition in Bioinformatics), pp. 284 – 295, 2011. Url: http://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-642-24855-9_25
28. **F. Jaafar**, Y-G. Guéhéneuc, S. Hamel et G. Antoniol, *An Exploratory Study of Macro Changes*, Proceedings of the 18th Working Conference on Reverse Engineering (WCRE), IEEE Computer Society Press, pp. 325-334, 2011.
29. **S. Hassaine**, F. Boughanmi, Y-G. Guéhéneuc, S. Hamel et G. Antoniol, *A seismology-inspired approach to study change propagation*, Proceedings of the 27th IEEE International Conference on Software Maintenance (ICSM), IEEE Computer Society Press, pp. 53-62, 2011.

30. **S. Hassaine**, F. Boughanmi, Y-G. Guéhéneuc, S. Hamel et G. Antoniol, *Change Impact Analysis: an Earthquake Metaphor*, Proceedings of the 19th IEEE Internationale Conference on Program Comprehension, IEEE Computer Society Press, pp. 209-210, 2011.
31. S. Cohen-Boulakia, A. Denise et S. Hamel, *Using Medians to generate consensus rankings for biological data*, Lecture Notes in Computer Science 4580, SSDBM 2011 (23rd Scientific and Statistical Database Management Conference), pp. 73–90, 2011. Url: http://link.springer.com/chapter/10.1007%2F978-3-642-22351-8_5
32. **S. Hassaine**, F. Khomh, Y-G. Guéhéneuc et S. Hamel, *IDS: An Immunology-inspired Approach for the Detection of Software Design Smells*, QUATIC 2010 (Seventh International Conference on Quality of Information and Communications Technology), pp.343-348, 2010.
33. G. Blin, S. Hamel et S. Vialette, *Comparing RNA structures with biologically relevant operations cannot be done without strong combinatorial restrictions*, Lecture Notes in Computer Science 5942, WALCOM2010 (**Workshop on Algorithms and Computations**), pp.149–160, 2010.
34. G. Blin, M. Crochemore, S. Hamel and S. Vialette, *Finding the median of three permutations under the Kendall- τ distance*, proceedings of the **7th Permutation Pattern conference**, pp. 31–36, 2009.
35. **J.P. Doyon**, C. Chauve et S. Hamel, *Algorithms for exploring the space of gene tree/species tree reconciliations*, Lecture Notes in Bioinformatics 5267, RECOMB-CG 2008 (**Recomb Comparative Genomics 2008**), pp.1–13, 2008.
36. **M. Benoît-Gagné** et S. Hamel, *A new and fast way to sort a permutation by transpositions*, Lecture Notes in Computer Science 4580, CPM 2007 (**Combinatorial Pattern Matching 2007**), pp.131–141, 2007.
37. S. Hamel, *A study of some easily parallelizable automata*, Proceedings of the **Join Conference on Information Science**, pp. 779–783, 2006.
38. **O. Kaczor**, Y-G. Guéhéneuc et S. Hamel, *Efficient Identification of Design Patterns with Bit-vector Algorithm*, proceedings of the **10th European Conference on Software Maintenance and Reengineering**, IEEE Computer Society Press, pp.173–182, 2006.
39. **V. Guignon**, C. Chauve et S. Hamel, *An Edit Distance Between RNA Stem-Loops*, Lecture Notes in Computer Science 3772, SPIRE 05 (**String Processing and Information REtrival**), pp. 335–347, 2005.
40. C. Chauve, **V. Guignon** et S. Hamel, *Distance d'édition entre "tige-boucles"*, Acticle court et poster no. 82, proceedings électronique ¹, **JOBIM 2005**.
41. S. Hamel, *Finding global similarities between proteins using vector algorithms*, Proceedings of the **Join Conference on Information Science**, pp. 1221 – 1225, 2005.

¹<http://pbil.univ-lyon1.fr/events/jobim2005/jobim.php?html=./pages/posters>

42. S. Hamel, *Computing the Global Similarity of two Strings with a Vector Algorithm*, **Currents in Computational Molecular Biology 2004**, A. Gramada et P.E. Bourne Eds, 2004, pp.317–318.
43. A. Bergeron et S. Hamel, *Cascade Decompositions are Bit-Vector Algorithms*, Lecture Notes in Computer Science 2494, CIAA01 (**International Conference on Automata Computation**), 2002, pp. 13-26.
44. S. Hamel et A. Bergeron, *A Vector Algorithm for Approximate String Matching with Arbitrary Weighted Distances*, Currents in Computational Molecular Biology 2001, **Les publications CRM**, pp. 1-2.
45. A. Bergeron et S. Hamel, *Fast Implementation of Automata Computations*, Lecture Notes in Computer Science 2088, CIAA00 (**International Conference on Automata Computation**), 2001, 47-56.
46. F. Bergeron et S. Hamel, *Intersections de modules liés aux polynômes de Macdonald*, **Actes du 9e colloque de séries formelles et combinatoire algébrique**, Vienne, juillet 1997, pp. 73-83.

Rapports internes

- **S. Hassaine**, Y-G. Guéhéneuc et S. Hamel, *Évolution Biologique et Applications en Génie Logiciel*, rapport interne EPMRT2010-03, Département de génie informatique et génie logiciel, École polytechnique de Montréal, 2010.
- **J.P. Doyon**, S. Hamel et C. Chauve, *An efficient method for exploring the space of gene tree/species tree reconciliations in a probabilistic framework*, rapport interne RR-10002 (2010) 19, LIRMM, 2010.
- **J.P. Doyon**, C. Chauve et S. Hamel, *Algorithms for exploring the space of gene tree/species tree reconciliations*, rapport interne 1323, DIRO, 2008.
- G. Blin, S. Hamel et S. Vialette, *Comparing RNA structures using a full set of biologically relevant edit operations is intractable*, CoRR abs/0812.3946, 2008.
- A. Ouangraoua, **V. Guignon**, C. Chauve et S. Hamel, *New algorithms for aligning nested arc-annotated sequences*, rapport interne RR-1443-08, Labri (Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique), avril 2008.

Posters ou exposés dans des conférences (sans actes)

- S. Hamel, *Médianes de m permutations*, congrès de l'ACFAS, mai 2010.
- **J.P. Doyon**, C. Chauve, and S. Hamel, *Space of Gene/Species Trees Reconciliations and Probabilistic Models*, Integrative Post-Genomics conference, Lyon, France, Novembre 2009.
- **K. St-Onge**, S. Hamel et F. Major, *A Quantitative Structure-Activity Approach Applied to the Determination of Key RNA Functional Structural Features*, prix du meilleur poster niveau doctorat, colloque Robert-Cedergren, novembre 2008.

- C. Chauve, **V. Guignon** et S. Hamel, *RNA StrAT*, RECOMB-CG 2008, Paris, poster, octobre 2008.
- C. Chauve, **V. Guignon** et S. Hamel, *RNA StrAT: RNA Secondary Structure Analysis Toolkit*, ISMB 2008, Toronto, poster, juillet 2008.
- **K. St-Onge**, S. Hamel et F. Major, *A Quantitative Structure-Activity Approach Applied to the Determination of Key RNA Functional Structural Features Without Explicit Representation of Involved Co-Factors*, RiboClub Opening Session, poster, 2008.
- **K. St-Onge**, S. Hamel, E. Westhof et F. Major, *Extending the RNA sequence structure space of the PDB using sequences*, RiboClub Opening Session, poster, 2007.
- **K. St-Onge**, S. Hamel et F. Major, *Modeling RNA-sequences*, Computational approaches to functional and regulatory RNAs, Benasque, Espagne, juillet 2006.
- C. Chauve, **V. Guignon** et S. Hamel, *Edit distance between "stem-loops"*, JOBIM 2005, Lyon, poster, juillet 2005.
- **V. Guignon**, C. Chauve et S. Hamel, *Faster RNA secondary structure alignment*, prix du meilleur poster niveau maîtrise, colloque Robert-Cedergren, septembre 2004.
- **M. Tikah M.**, S. Hamel et A.-R. Schmitzer, *Modélisation in-silico de l'enzyme para-hydroxybenzoate hydroxylase (PHBH) et application au développement de catalyseurs artificiels*, colloque Robert-Cedergren, septembre 2004.
- S. Hamel, *Global similarity between strings, a new approach*, International Conference on Research in Computational Molecular Biology (RECOMB), San Diego, Californie, Poster, mars 2004.
- S. Hamel, *How to construct vector algorithms to accelerate some automata computations*, **Workshop on Semigroup and Automata**, Université McGill, exposé, mars 2003.

COLLOQUES OU CONGRÈS: ORGANISATION OU COMITÉ SCIENTIFIQUE

- Membre du comité de programme de la conférence internationale WORDS 2017, 11-15 septembre 2017.
- Membre du comité organisateur de la conférence internationale RECOMB-CG 2016 (Comparative genomics satellite workshop), 11-14 octobre 2016.
- Membre du comité scientifique de la conférence internationale IWOCA 2013 (International Workshop on Combinatorial Algorithms), 10-12 juillet 2013.
- Membre du comité scientifique de la conférence internationale IWOCA 2012 (International Workshop on Combinatorial Algorithms), 19-21 juillet 2012.
- Membre du comité scientifique de la conférence internationale GASCom 2012 (Random and exhaustive Generation of Combinatorial Objects), 25-27 juin 2012.
- Membre du comité scientifique de la conférence internationale IWOCA 2011 (International Workshop on Combinatorial Algorithms), 20-22 juin 2011.

- Membre du jury et modérateur, colloque Robert-Cedergren, Université de Montréal, 2-4 novembre 2008.
- Membre du jury, colloque Robert-Cedergren, Université de Montréal, 23-24 septembre 2004 et 14-15 novembre 2006.
- Membre du comité organisateur de la conférence internationale RECOMB Comparative Genomics Satellite Workshop 2006, 24 au 26 juin 2006, Montréal.
- Membre du comité scientifique de la conférence internationale “International Conference on Computational Biology and Genome Informatics”, 21 au 26 juillet 2005, Salt Lake City.
- Membre du jury, colloque Robert-Cedergren, Université de Montréal, 23-24 septembre 2004.
- Membre du comité organisateur et du comité scientifique du congrès international JOBIM 2004 (Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques), 28 au 30 juin 2004, Montréal.
- Responsable de l’organisation du colloque “La bioinformatique dans les universités montréalaises”, 10 et 11 mai 2004 (dans le cadre du congrès annuel de l’ACFAS), Montréal.

EXPOSÉS ET SÉJOURS INVITÉS

- S. Hamel, *Médianes de permutations sous la distance de Kendall- τ* , Séminaire du LaCIM, **Université du Québec à Montréal**, février 2017.
- S. Hamel, *Médianes de permutations sous la distance de Kendall- τ* , Séminaire du DIRO, **Université de Montréal**, mars 2016.
- Conférencière invitée au Dagstuhl Seminar, “Pattern avoidance and genome sorting”, Saarbrücken, Allemagne, février 2016.
- Conférencière invitée pour le Workshop on the Algorithmic Analysis of Biological Data, dans le cadre de SPIRE 2012, Cartagena, Colombia, octobre 2012.
- Chercheure invitée, Université Marne-La-Vallée, décembre 2011.
- Chercheure invitée, Université du Québec à Montréal, janvier-juin 2011.
- Chercheure invitée, Université Paris-Sud 11, Fondation Digiteo, 15 septembre - 15 novembre 2010.
- S. Hamel, *Medians of permutations and gene orders*, conférencière invitée, LIX Bioinformatics Colloquium, 8 au 10 novembre, 2010
- S. Hamel, *Médianes de permutations sous la distance de Kendall- τ* , Séminaire de l’Institut Gaspard-Monge, Université Marne-la-Vallée, 5 octobre 2010.
- S. Hamel, *Sur la médiane de m permutations*, Séminaire du Laboratoire de Recherche en Informatique, Université Paris-Sud 11, 30 septembre 2010.

- Chercheur invitée, University of California San Diego, juillet 2010.
- S. Hamel, *Sur la médiane de 3 permutations sous la distance de Kendall- τ .*, Séminaire de bioinformatique, **Université du Québec à Montréal**, Février 2010.
- Professeure invitée, Université Marne-La-Vallée, mai-juin 2008.
- S. Hamel, *Modélisation de motifs d'ARN à l'aide d'une grammaire de graphes*, Séminaire de l'Institut Gaspard-Monge, Université Marne-la-Vallée, juin 2008.
- Invitée au Banff International Research Station (BIRS) pour le workshop: Women in Mathematics. (Un rapport conjoint est en préparation), 23 au 28 septembre, 2006, Banff.
- S. Hamel, *Étude de la complexité palindromique des mots infinis*, Séminaire de Combinatoire et d'Informatique Théorique du LACIM, **Université du Québec à Montréal**, janvier 2004.
- S. Hamel, *Sur la complexité des mots infinis*, Séminaire du DIRO, **Université de Montréal**, novembre 2003.
- S. Hamel, *Un algorithme vectoriel pour le problème de la recherche des occurrences approximatives d'un mot dans un texte*, Séminaire Bio-Informatique, Université de Montréal, septembre 2003.
- Professeure invitée dans le cadre du Summer Program for Women in Mathematics, George Washington University, juillet 2003. S. Hamel, *How to construct vector algorithms to accelerate some automata computations*, **Workshop on Semigroup and Automata**, Université McGill, mars 2003.
- S. Hamel, *Vector algorithms for the approximate string matching problem*, **Université Concordia**, décembre 2002.
- S. Hamel, *Bit-vector algorithms and approximate string matching*, **Massachusetts Institute of Technology**, novembre 2002.
- S. Hamel, *Automates, algorithmes vectoriels et bioinformatique*, Séminaire du DIRO, **Université de Montréal**, octobre 2002.
- S. Hamel, *Vector algorithms in biocomputing*, **McGill University**, septembre 2002.

RESPONSABILITÉS ADMINISTRATIVES

- Présidente du comité d'évaluation des demandes bourses postdoctorales V2 au FRQNT pour le concours 2017-2018.
- Représentante syndicale du département d'informatique et de recherche opérationnelle, janvier 2017 -
- Membre élu du Comité de consultation pour la nomination d'un directeur ou une directrice (CONODIR) pour le département d'informatique et recherche opérationnelle, automne 2016
- Membre externe du Comité de consultation pour la nomination d'un directeur ou une directrice (CONODIR) pour le département de linguistique et traduction, automne 2016
- Membre élu du Comité des élections et des candidatures de la FAS (CELCAN), mai 2016 -

- Présidente du comité des études supérieures en bioinformatique, 2014 -
 - Responsable des cycles supérieurs en bio-informatique, juin 2014 -
 - Membre élu du CONFAS (Conseil de la Faculté des Arts et Sciences), juin 2014 -
 - Responsable du 1er cycle en bio-informatique, juin 2014 -
 - Présidente du comité des études - baccalauréat en bioinformatique, 2014 -
 - Présidente du comité recrutement d'étudiants du DIRO, juin 2014 -
 - Membre du comité recrutement professoral en bio-informatique, 2014
 - Présidente du comité informatique d'évaluation des demandes de subventions nouveaux chercheurs au FRQNT pour le concours 2014-2015.
 - Présidente du comité de femmes au DIRO, 2006-2014.
 - Membre du comité des bourses du DIRO, 2013
 - Membre du comité d'évaluation des demandes de subventions nouveaux chercheurs au FRQNT pour le concours 2012-2013 et 2013-2014.
 - Responsable du 1er cycle au DIRO, juin 2011- 2014
 - Présidente du comité des études, juin 2011 - 2014
 - Membre du comité ordinateur du SGPUM, 2010 -
 - Membre du comité des études gradué en bioinformatique, 2006 - 2011
 - Membre du comité des études - baccalauréat en bioinformatique, 2004 - 2011
 - Membre du comité recrutement professoral, 2009, 2012.
 - Représentante du DIRO auprès du comité facultaire de sélection des candidats aux bourses CRSNG, 2009
 - Membre du jury du prix Frère-Robert de l'Association Mathématiques du Québec, chaque année depuis été 2008.
 - Membre du comité d'évaluation des programmes gradué en bioinformatique 2008-2010
 - Membre du comité de publicité, rayonnement DIRO, Web 2005-2006
 - Membre du comité des bourses du DIRO, 2004-2005
-