

David Mignon

Né le 30 mars 1972.

Adresse: 31 route de la bonne dame 77300 Fontainebleau.

N° de téléphone: 09.54.90.50.29 ou 06.73.12.08.97

Adresses électroniques: mignondavid@free.fr ou david.mignon@polytechnique.edu

Ingénieur bio-informaticien

EXPÉRIENCE PROFESSIONNELLE

Depuis novembre 2005:

Ingénieur d'études au laboratoire de Biochimie de L'Ecole Polytechnique:

- Mise en place et exploitation du système de calculs distribués [proteins@home](http://biology.polytechnique.fr/proteinsathome) (<http://biology.polytechnique.fr/proteinsathome>)
- Développement d'outils de "Protein design"
- Maintenance et support du parc informatique du laboratoire

05/2004-10/2005:

Ingénieur d'études à l'URGI de L'INRA dans le cadre du projet Génoplante:

- Mise en place et évaluation d'outils d'annotation de séquences ADN
- Développement d'un outil de pipelines de traitements bio-informatiques

1999/2002:

Analyste-programmeur dans une société de services informatiques (ABASE):

09/99-04/01: Développement d'applications client-serveur Java/C++

05/01-12/01: Développement d'applications WEB

01/02-09/02: Support et définition de méthodes pour les développeurs, administration de base de données (DB2)

FORMATION

2002/2003:

DEA "Applications des mathématiques et de informatique à la biologie", à l'Université d'Evry (mention assez bien)
Mastère spécialisé de bioinformatique (en parallèle du DEA), à l'Institut d'Informatique d'Entreprise

Projet (janvier/mars au LIMSI à Orsay): Développement d'un outil de comparaison des structures 3D de protéines

Stage (avril/septembre à l'unité MIG de l'INRA): Développement de méthodes d'analyse fonctionnelle in silico fondées sur le contexte des gènes

1996/1997:

DEA "Algorithmique, arithmétique et Algèbre", à l'Université de Caen (non obtenu).
Stage (avril/septembre au LIASC à ENST Bretagne): Aide à la décision pour les systèmes multi-agents

1995/1996:

Maîtrise de mathématiques appliquées à l'université de Brest.

PUBLICATIONS

- Samson D, Chétouani F, Legeai F, Mignon D, Scala D, James E, Duclert A. **Towards an integrated system around plant genomes**. JOBIM 2005 Lyon France.
- T. Simonson, D. Mignon, M. Schmidt am Busch, A. Lopes, C. Bathelt. **The inverse protein folding problem: structure prediction in the genomic era**. In Distributed and Grid Computing — Science Made Transparent for Everyone. Principles, Applications and Supporting Communities. Tektum Publishers, Berlin (2007).
- M. Schmidt am Busch, A. Lopes, D. Mignon & T. Simonson **Computational protein design: software implementation, parameter optimization, and performance of a simple method**. (2008) Journal of Computational Chemistry, 29, 1092-1102.
- Schmidt Am Busch M, Mignon D, Simonson T. **Computational protein design as a tool for fold recognition**. Proteins. 2009 Mar 24 [Epub ahead of print].