
Jean-Philippe Doyon <Jean-philippe.Doyon@lirmm.fr>

(+33) 4 67 41 86 02

<http://www.lirmm.fr/~doyon/>

Le Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique de Montpellier (LIRMM)

EDUCATION

- Doctorat en informatique, Université de Montréal** 2004 - 2010
- Titre: Algorithmes pour la réconciliation d'un arbre de gènes avec un arbre d'espèces
 - Directeurs: Sylvie Hamel, Cedric Chauve et Hervé Philippe
- Maîtrise en Mathématiques appliquées, Ecole Polytechnique de Montréal** 2000 - 2004
- Algorithme de "branch-and-price" pour la génération d'horaires d'infirmières
 - Directrice: Brigitte Jaumard
- Baccalauréat en Mathématiques (spec. info.), Université du Québec à Montréal** 1996 - 1999

EXPÉRIENCES DE RECHERCHE

- Stage postdoctoral** 2011 - 2012
- Phylospace: algorithmes de cophylogénie en considérant les aires géographiques
 - Superviseurs: V. Berry (LIRMM), E. Jousset (INRA) et A. Franc (INRA)
- Stage postdoctoral** 2009 - 2011
- Phylogénomique : algorithmes pour reconstruire l'arbre de la vie
 - Superviseurs: Vincent Berry (LIRMM) et Vincent Ranwez (ISEM)
- Assistant de recherche au G.E.R.A.D., Ecole Polytechnique de Montréal** 2000 - 2004
- Superviseur: Brigitte Jaumard
- Stage de recherche au G.E.R.A.D., Ecole Polytechnique de Montréal** 1998 - 1999
- Superviseurs: Brigitte Jaumard et Tsevi Vovor

EXPÉRIENCES D'ENSEIGNEMENT (24H CM; 139H TD; 90H TP; 235 HETD)

(Cours Magistraux (CM); Travaux Dirigés (TD); Travaux Pratiques (TP))

- TD et TP de "Programmation impérative" (18 et 18 heures)** 2012
- Université Montpellier 2; Pascal Giorgi
- TD et TP de "Modélisation informatique des données biologiques" (13 et 10 heures)** 2011
- Université Montpellier 2; Isabelle Mougnot
- TP de "Structures de données" (21 heures)** 2011
- Université Montpellier 2; Sèverine Bérard
- TD et TP de "Analyse d'algorithmes" (18 et 18 heures)** 2011
- Université Montpellier 2; Rodolphe Giroudeau
- CM de "Bio-informatique : phylogénie et évolution" (6 heures)** 2010, 2011
- Université Montpellier 2; Annie Chateau
- CM et TP de "Algorithmique pour la bio-informatique" (3 et 3 heures)** 2010
- Université Montpellier 2; Annie Chateau
- CM et TP de "Concepts de base en informatique" (C2I) (15 et 20 heures)** 2010, 2011
- Université Montpellier 2; Anne-Muriel Chifolleau
- TD de "Organisation des ordinateurs et assembleur" (30 heures)** 1998
- U.Q.A.M.; Philippe Gabrini
- TD de "Programmation II" (60 heures)** 1997 - 1998
- U.Q.A.M.; André Langlois et Odile Marcotte

ARTICLES DANS DES REVUES AVEC COMITÉ DE LECTURE

- **J-P. Doyon**, S. Hamel, and C. Chauve. 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*, 9:26-39, 2012.
- **J-P. Doyon**, V. Ranwez, V. Daubin, and V. Berry. Models, algorithms and programs for phylogeny reconciliation. *Briefings in Bioinformatics*, 12(5): 392-400, 2011.
- **J-P. Doyon** and C. Chauve. Branch-and-Bound approach for parsimonious inference of a species tree from a set of gene family trees. In: *Software Tools and Algorithms for Biological Systems. Springer (book series, Advances in Experimental Medicine and Biology)*, 2011.
- **J-P. Doyon**, C. Chauve, and S. Hamel. Space of Gene/Species Trees Reconciliations and Parsimonious Models. *Journal of Computational Biology*, 16:1399-1418, 2009.
- C. Chauve, **J-P. Doyon**, and N. El-Mabrouk. Gene family evolution by duplication, speciation and loss. *Journal of Computational Biology*, 15:1043-1062, 2008.

ARTICLES DANS ACTES DES CONFÉRENCES AVEC COMITÉ DE LECTURE

- **J-P. Doyon**, C. Scornavacca, K. Y. Gorbunov, G. Szöllősi, V. Ranwez, and V. Berry. An efficient algorithm for gene/species trees parsimonious reconciliation with losses, duplications and transfers 2010 (extended abstract). LNCS/LNBI 6398:93-108, *RECOMB Comparative Genomics*, 2010.
- **J-P. Doyon**, C. Scornavacca, G. Szöllősi, V. Ranwez, and V. Berry. An efficient algorithm for gene/species trees parsimonious reconciliation with losses, duplications, and transfers. *JOBIM*, 2010.
- **J-P. Doyon**, C. Chauve, and S. Hamel. Algorithms for exploring the space of gene tree/species tree reconciliations (extended abstract). LNCS/LNBI 5267:1-13, *RECOMB Comparative Genomics*, 2008.
- C. Chauve, **J-P. Doyon**, and N. El-Mabrouk. Inferring a duplication, speciation and loss history from a gene tree (extended abstract). LNCS/LNBI 4751:45-57, *RECOMB Comparative Genomics*, 2007.

PRÉSENTATIONS ORALES ET POSTERS

- **J-P. Doyon**, E. Joussetin, and V. Berry. Reconciliation algorithm for parasite/host phylogenies with paleogeographic information. *ALPHY 2012 (French-Spanish meeting on Bioinformatics and Evolutionary Genomics)*. France, 2012.
- N. Thi, **J-P. Doyon**, V. Ranwez, and V. Berry. MowgliNNI: a gene tree/species tree reconciliation method accounting for gene tree uncertainty. *ALPHY 2012*. France, 2012.
- **J-P. Doyon**, C. Scornavacca, K. Yu. Gorbunov, G. Szöllősi, V. Ranwez, and V. Berry. An efficient algorithm for gene/species trees parsimonious reconciliation with losses, duplications and transfers. *RECOMB Comparative Genomics*, Ottawa, 2010.
- Idem. *JOBIM*, Montpellier, 2010.
- **J-P. Doyon**, C. Scornavacca, G. Szöllősi, V. Ranwez, and V. Berry. Most parsimonious reconciliation of gene and species trees with duplications, transfers and losses. *SMBE*, Lyon, 2010.
- **J-P. Doyon**, C. Chauve, and S. Hamel. Space of Gene/Species Trees Reconciliations and Probabilistic Models. *Integrative Post-Genomics*. France, 2009.
- **J-P. Doyon**, C. Chauve, and S. Hamel. Algorithms for exploring the space of gene tree/species tree reconciliations. *RECOMB Comparative Genomics*, Paris, 2008.
- C. Chauve, **J-P. Doyon**, and N. El-Mabrouk. Inferring a duplication, speciation and loss history from a gene tree. *COMBI Seminar*, Vancouver, 2007.
- Idem. Poster: CECM Day, Vancouver, 2007; *SMBE*, Halifax, 2007; *RECOMB-CG*, Montréal, 2006.
- **J-P. Doyon**. “Méthodes de recherche de gènes orthologues”, Réunion de Bioinformatique Comparative et Intégrative, Orford (Canada), 2005.
- **J-P. Doyon**. “Algorithme de Branch and Price pour la confection d’horaires d’infirmières”. 72e congrès de l’Acfas, Montréal, 2004.
- **J-P. Doyon** and B. Jaumard. “IBERIS: Méthode de génération automatisée d’horaires d’infirmières”. Optimization Days, Montréal, 2002.

COMPÉTENCES GÉNÉRALES

- **Informatique:** algorithmique, complexité, énumération et optimization combinatoire, structures de données.
- **Programmation:** C++ (12 ans), Perl (5 ans), C shell (4 ans), Java, MySQL, Assembleur, C, Ada.
- **Autres:** Linux (bonnes connaissances), latex, HTML, développement de bibliothèques C++

BOURSES

Bourse de déplacement pour RECOMB-CG, Ottawa	<i>2010</i>
Université de Montréal, Département d'informatique (4 mois)	<i>2009</i>
Ministère de l'éducation du Québec (stage de recherche de 5 mois, Simon Fraser University, Vancouver)	<i>2007</i>
Génome Québec, 19 mois	<i>2004</i>

LANGUES

- Français: écrit (expert) et oral (expert).
- Anglais: écrit (expert) et oral (expert).
- Espagnole: écrit (débutant) et oral (débutant).

SERVICES

- "Reviewer": *IEEE/ACM, Trans. on Comp. Biology and Bioinformatics, Briefings in Bioinformatics, RECOMB-CG., ISMB.*
- (Co)direction d'une étudiante au doctorat en informatique (Université Montpellier 2; 2010-2012). Comité d'organisation du JOBIM2010 (Montpellier).