





Martin Bari Garnier

26 ans

+33 6 52 63 21 07

 martbari.g@gmail.com

 48 rue des Vinaigriers, 75010 Paris

 MartinBaGar

SKILLS

Informatique

Programmation

Python, R, Unix

Modélisation, dynamique moléculaire

GROMACS, Amber
MD, MOE Pymol,
VMD, Blender

Docking

Suite AutoDock,
HADDOCK

Images

GIMP, Inkscape


Musique

FL Studio, Guitar Pro

Langues

Anglais C1
Espagnol B2

Musique

 Batteur depuis
2011
Interprète-
compositeur

FORMATION

MASTER BIO-INFORMATIQUE : *IN SILICO DRUG DESIGN* - Université Paris-Cité (2023-2025)
L'informatique: l'approche qui me stimule

Modélisation de macromolécules et Dynamique Moléculaire, Analyse de données en Drug Design, Criblage haut-débit, Docking

MASTER CHIMIE, BIOLOGIE ET MÉDICAMENT - Université de Strasbourg (2021-2023)
Renforcer mes compétences dans l'environnement qui me correspond

Stratégie de synthèse en chimie organique pour des biomolécules
Biologie chimique, Ingénierie des protéines, Chémoinformatique, Drug Design

LICENCE CHIMIE-BIOLOGIE - Université Paris-Saclay (2019-2021)
Une application de la chimie dans un domaine qui m'intéresse

Chimie organique, bioorganique, bioinorganique, analytique et du médicament
Biologie moléculaire, cellulaire et du développement
Biochimie membranaire, du métabolisme

DUT CHIMIE - Université Paris-Est Créteil (2017-2019)
Ma première approche de la chimie

Chimie générale, de synthèse (minérale et organique) et analytique, génie chimique

PROFESSIONAL EXPERIENCE

LABORATOIRE DE BIOLOGIE THÉORIQUE - Lead Engineer (Jan - Juil 2025)

Simulation par Dynamique Moléculaire
Simulation par Dynamique Moléculaire
Simulation par Dynamique Moléculaire

BIOVIA - DASSAULT SYSTÈMES - (Mai-Juin 2024)

Développement d'un workflow intégrant l'IA pour la conception de ligands
Génération de ligands (PMDM, PocketFlow), Evaluation de leur vraisemblance (PosesBuster), Docking (GOLD, Quick Vina 2), Analyse des interactions (Discovery Studio)

LABORATOIRE D'INNOVATION THÉRAPEUTIQUE - (Janvier-Juin 2023)

Modélisation des état conformationnels du corécepteur de HIV-1 en relation avec le tropisme viral R5 et R5X4 Simulation par Dynamique Moléculaire et Analyse avec la suite Amber

DEPARTMENT OF IMMUNOLOGY OF THE OKAYAMA UNIVERSITY - (Avril-Août 2022)

Analyse de la base de données « The Cancer Genome Atlas » avec R
Caractérisation de l'expression de différentes protéines

FEDERAL UNIVERSITY OF PERNAMBOUCO - (Avril-Juin 2019)

Synthèse et caractérisation de nanoparticules d'argent à effet larvicide
Test d'efficacité des nanoparticules d'argent