

# André Lanrezac

## Bioinformaticien | Développeur scientifique

### Formation

#### Doctorat en Bioinformatique - Chimie Physique • Nov. 2019 — Avr. 2023

*Laboratoire de Biochimie Théorique - CNRS, France*

"Interprétation de données expérimentales par simulation et visualisation moléculaire interactive"

#### Master en Bioinformatique et Modélisation • 2017 — 2019

*Sorbonne Université, Paris*

Bioinformatique structurale et modélisation

#### Licence en Biologie Moléculaire et Cellulaire • 2014 — 2017

*Université Pierre et Marie Curie, Paris*

Biologie, bioinformatique

### Expériences professionnelles

#### Ingénieur de recherche

*Laboratoire de Biochimie Théorique - CNRS, France • Sept. 2023 — Juin. 2024*

- **Recherche:** Application web MDverse pour l'analyse de données de simulation moléculaire à grande échelle
- **Développement:** Suite logicielle de simulations moléculaires (Unity, C#, C++, Python, C)

#### Assistant de recherche

*Laboratoire de Biochimie Théorique - CNRS, France • Nov. 2019 — Avr. 2023*

- Auteur principal d'une revue avancée sur les simulations moléculaires interactives (IMS) [1]
- Développement d'une suite logicielle intégrant la visualisation et la simulation moléculaire avec l'interaction humaine [2,3] (Unity, C#, C++, Python, C)

#### Stagiaire en conception de médicaments en bioinformatique

*Institute of Mineralogy, Physics of Materials and Cosmochemistry, Sorbonne Université - CNRS, France • 2019*

- Développement d'une méthode d'amarrage de peptides cycliques en combinant Autodock avec des simulations REMD dans GROMACS, et comparaison des résultats avec l'outil d'amarrage HADDOCK.
- Conception manuelle de peptides cycliques avec UCSF-Chimera.

#### Stagiaire en analyse structurale en bioinformatique.

*Institute of Systematics, Evolution and Biodiversity, Sorbonne Université - CNRS, France • 2018*

- Contribution au développement d'un programme pour des recherches rapides de similarité de structures protéiques. (Python, C)

### Compétences

**Langues :** Français (natif), Anglais (maîtrisé)

**Logiciels scientifiques :** VMD, PyMol, APBS, GROMACS, NAMD, HADDOCK, Desmos, AutoDock, Chimera, HADDOCK

**Communication :** Suites office Apple/Microsoft, Conception de site web (HTML/CSS), Authorea, *L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X*

**Langages de programmation :** Python3, C++11, C#, Bash, C, Unix, HTML, CSS

**Outils de développement :** git, conda, Docker, gdb, lldb, CMake, Unity, Pixlr E, Jekyll, MongoDB, Streamlit

**OS :** macOS, Linux

### Publications:

- [4] Lanrezac A, Férey N, Baaden M. "*Interactive Molecular Dynamics*" Reference Module in Chemistry, Molecular Sciences and Chemical Engineering (2023) DOI: 10.1016/B978-0-12-821978-2.00115-X
- [3] Lanrezac A, Baaden M. "*UNILIPID, a Methodology for Energetically Accurate Prediction of Protein Insertion into Implicit Membranes of Arbitrary Shape*" Membranes (2023) DOI: 10.3390/membranes13030362
- [2] Lanrezac A, Laurent B, Santuz H, Férey N, Baaden M. "*Fast and Interactive Positioning of Proteins within Membranes*" Algorithms (2022) DOI: 10.3390/a15110415
- [1] Lanrezac A, Férey N, Baaden M. "*Wielding the power of interactive molecular simulations*" WIREs Comput Mol Sci (2021) DOI: 10.1002/wcms.1594

### Poster:

- (1) Lanrezac A, Férey N, Baaden M. "*Combining human interaction and empirical data using interactive elastic network models*" EMBO Workshop: Advances and Challenges in Biomolecular Simulations (2021)

---

## Logiciels & Outils

---

J'ai poursuivi le développement de BioSpring, UnityMol et MDDriver pendant ma thèse, et ils sont actuellement mes projets secondaires. Ce sont des projets développés par l'équipe de Marc Baaden au Laboratoire de Biochimie Théorique.

- **BioSpring** : Moteur de simulation interactive basé sur un modèle étendu de réseau élastique  
*Développeur • 2019 – 2024 • C++11*
- **UnityMol** : Visualiseur moléculaire  
*Développeur • 2019 – 2024 • C#*
- **MDDriver** : Socket pour la communication de données  
*Développeur • 2019 – 2024 • C*
- **LIPTUNE** : *Leveraging IMPALA Parameterization Technique Using New Energies* [4]. L'outil teste 4 méthodes pour calibrer chaque acide aminé et obtenir un ensemble de paramètres d'hydrophobicité afin d'améliorer l'insertion des protéines avec le modèle analytique de membrane IMPALA. L'approche peut être utilisée pour tout type de représentation, des échelles atomiques aux échelles à gros grains.  
*Designer & Développeur • 2023 • Python3*
- **AlimBDD** : Application qui effectue une analyse nutritionnelle détaillée en inventoriant des produits alimentaires et en analysant leurs nutriments. L'application fournit aux utilisateurs une vue scientifique de leur apport alimentaire et permet des combinaisons expérimentales d'aliments pour optimiser la valeur nutritionnelle.  
*Designer & Développeur • 2024 – Now • Python3, MongoDB, Streamlit*

---

## Activités extra-professionnelles

---

**Sport** : Escalade (bloc), badminton, vélo

**Divers** : Musique (funk, new-disco, électronique, trip hop, classique), sciences (physique, astronomie), informatique (qualifié au Google CodeJam 2022), caféologie, échecs.

---

## Réseaux sociaux

---

- **Github**: <https://github.com/lanzac>
- **LinkedIn**: <https://www.linkedin.com/in/andre-lanrezac>
- **ResearchGate**: <https://www.researchgate.net/profile/Andre-Lanrezac>
- **Mail**: [a.lanrezac@gmail.com](mailto:a.lanrezac@gmail.com)