

## Compétences

---

**Programmation:** C++, Python3, C#, Bash, C, HTML, CSS**Technologies:** Git, CI/CD (GitHub Actions), Docker, Unity, Django, Flask, CMake, SQL, MongoDB, AWS**Langues:** Français (natif), Anglais (maîtrisé), Mandarin (débutant)

## Expériences professionnelles

---

**Assistant de recherche & Ingénieur de recherche**

2019 – 2024

Laboratoire de Biochimie Théorique, IBPC · CNRS, Paris

- Développement d'une suite logicielle pour la simulation et la visualisation moléculaire, avec gestion des échanges de données en temps réel et analyse dynamique
- Standardisation de workflows multi-threads (C++, C#) pour le contrôle et le suivi en temps réel de simulations moléculaires, garantissant un échange fluide et extensible des données
- Optimisation d'algorithmes pour des simulations interactive à grande échelle, incluant la modélisation de systèmes biologiques complexes et l'analyse de performance [1]
- Amélioration d'une interface 3D de visualisation (Unity, C#), pour l'interaction homme-machine et la visualisation directe des dynamiques complexes des molécules dans l'espace [1, 2]
- Mise en œuvre d'un pipeline CI/CD (GitHub Actions, Docker), améliorant l'automatisation des tests et le processus de déploiement
- Auteur principal du premier article de revue sur les simulations moléculaires interactives (IMS) [3], synthétisant des décennies de recherches dans ce domaine

**Stagiaire en conception de médicaments en bioinformatique**

Fev 2019 – Juin 2019

Équipe de bioinformatique et de biophysique, IMPMC · Sorbonne université, Paris

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

**Stagiaire en analyse structurale en bioinformatique**

Juillet 2018

Équipe de recherche en bioinformatique, ISYEB · Sorbonne université, Paris

- Optimisation d'une recherche de similarité protéique en réimplémentant l'algorithme de Bellman (Python), et en développant des algorithmes heuristiques

## Formation

---

**Université Paris Cité – Doctorat en Bioinformatique**

2023

Directeur: Dr Marc Baaden

**Sorbonne Université, Paris – Licence en Biologie & Master en Bioinformatique**

2019

## Publications

---

- [1] André Lanrezac and Marc Baaden. "UNILIPID, a Methodology for Energetically Accurate Prediction of Protein Insertion into Implicit Membranes of Arbitrary Shape". *Membranes* (Mar. 2023). DOI:10.3390/membranes13030362.
- [2] André Lanrezac et al. "Fast and Interactive Positioning of Proteins within Membranes". *Algorithms* (Nov. 2022). DOI:10.3390/a15110415.
- [3] André Lanrezac, Nicolas Férey, and Marc Baaden. "Wielding the power of interactive molecular simulations". *WIREs Computational Molecular Science* (July 2022). DOI:10.1002/wcms.1594.
- [4] André Lanrezac, Nicolas Férey, and Marc Baaden. "Interactive Molecular Dynamics". *Reference Module in Chemistry, Molecular Sciences and Chemical Engineering*. Elsevier, 2023. DOI:10.1016/B978-0-12-821978-2.00115-X.