

André Lanrezac

Bioinformaticien | Développeur scientifique
🔗 <https://lanzac.github.io>
📍 Paris, France

🔗 github.com/lanzac
✉ a.lanrezac@gmail.com

Formation

Doctorat en Bioinformatique – Université Paris Cité	2023
Supervisé par Marc Baaden	
Licence en Biologie & Master en Bioinformatique – Sorbonne Université, Paris	2019

Expériences professionnelles

Assistant de recherche & Ingénieur de recherche Laboratoire de Biochimie Théorique, IBPC · CNRS , Paris	Nov 2019 - Juin 2024
<ul style="list-style-type: none">• Auteur principal d'un article de revue sur les simulations moléculaires interactives (IMS) [1], synthétisant les travaux de la communauté scientifique sur plusieurs décennies• Améliorations des logiciels de visualisation moléculaire UnityMol (Unity, C#) et du moteur BioSpring (C++) pour des expériences en temps réel d'insertion de protéines dans une membrane analytique [2, 3, 5]• Développement de UNILIPID, méthode et outil Python pour adapter les paramètres lipide-protéine dans des membranes implicites, permettant d'étendre la représentation des membranes des modèles tout-atomes au gros-grain et de simuler des géométries membranaires courbes [3]• Contribution à la maintenance et à la diffusion de BioSpring via la mise en place d'un pipeline CI/CD (GitHub Actions, Docker) automatisant les versions, résolvant des dépendances anciennes et facilitant l'accès au logiciel	
Stagiaire en conception de médicaments en bioinformatique Bioinformatics Research Team, ISYEB · Sorbonne université , Paris	Fev 2019 - Juin 2019
Supervisé par Dirk Stratmann	
<ul style="list-style-type: none">• Élaboration d'un workflow combinant AutoDock et simulations REMD (GROMACS) pour évaluer l'affinité et la stabilité de peptides cycliques, avec comparaison aux résultats HADDOCK pour optimiser les designs• Conception manuelle de peptides cycliques avec UCSF-Chimera pour optimiser les séquences et structures ciblant des poches protéiques spécifiques	
Stagiaire en analyse structurale en bioinformatique Bioinformatics Research Team, ISYEB · Sorbonne université , Paris	Juillet 2018
Supervisé par Mathilde Carpentier	
<ul style="list-style-type: none">• Poursuite du développement de YAKUSA, outil de recherche rapide de similarité structurale basé sur les SHSPs (motifs structuraux communs à haut score)• Ré-implémentation de l'algorithme de Bellman (Python) pour calculer le plus long chemin à travers les motifs partagés et optimiser la recherche de similarité• Développement d'algorithmes heuristiques pour accélérer l'alignement structural et améliorer la vitesse d'appariement	

Compétences

Programmation: Python, C++, C#, Bash, C, HTML, CSS

Logiciels & Frameworks: Django, React, Unity, CMake, SQL

DevOps: Git, CI/CD (GitHub Actions), Docker

Langues: Français (natif), Anglais (maîtrisé), Mandarin (débutant)

Publications

- 1 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.
- 2 André Lanrezac et al. "Fast and Interactive Positioning of Proteins within Membranes". *Algorithms* (Nov. 2022). DOI:10.3390/a15110415.
- 3 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.
- 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.
- 5 Laurent B, Lanrezac A, Santuz H, Ferey N, Delalande O, Baaden M. "BioSpring: An elastic network framework for interactive exploration of macromolecular mechanics". *Protein Science* (April 2025). DOI:10.1002/pro.70130/