

# André Lanrezac

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

↗ [github.com/lanzac](https://github.com/lanzac)  
✉ a.lanrezac@gmail.com

## Formation

<b>Doctorat en Bioinformatique</b> - Université Paris Cité	<b>2023</b>
<b>Licence en Biologie ⇒ Master en Bioinformatique</b> - Sorbonne Université, Paris	<b>2019</b>

## Expériences professionnelles

<b>Assistant de recherche &amp; Ingénieur de recherche</b> Laboratoire de Biochimie Théorique, IBPC · CNRS , Paris Supervisé par Dr. Marc Baaden	<b>Nov 2019 - Juin 2024</b>
<ul style="list-style-type: none"><li>Auteur principal d'un article de revue sur les simulations moléculaires interactives (IMS) [1]</li><li>Extension et optimisation des logiciels de visualisation moléculaire UnityMol (Unity, C#) et du moteur BioSpring (C++) pour simuler l'insertion de protéines dans des membranes implicites (modèle analytique), avec interaction et supervision en temps réel des données de simulation [2, 3, 5]</li><li>Développement d'UNILIPID, méthodologie multi-échelle pour décrire les interactions lipide-protéine dans des membranes implicites simples, doubles ou courbes, avec paramétrisation reproduisant des échelles expérimentales d'hydrophobicité [3]</li><li>Mise en place de pipelines CI/CD (GitHub Actions, Docker), facilitant la maintenance et la diffusion de la suite interactive en open-source</li></ul>	
<b>Stagiaire en conception de médicaments en bioinformatique</b> Équipe de bioinformatique et de biophysique, IMPMC · Sorbonne université, Paris Supervisé par Dr. Dirk Stratmann	<b>Fev 2019 - Juin 2019</b>

<b>Stagiaire en analyse structurale en bioinformatique</b> Atelier de bioinformatique (ABI), ISYEB · Sorbonne université, Paris Supervisé par Dr. Mathilde Carpentier	<b>Juillet 2018</b>
<ul style="list-style-type: none"><li>Poursuite du développement de YAKUSA, outil de recherche rapide de similarité structurale basé sur les SHSPs (motifs structuraux communs à haut score)</li><li>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</li><li>Développement d'algorithmes heuristiques pour accélérer l'alignement structural et améliorer la vitesse d'appariement</li></ul>	

## Compétences

<b>Programmation</b>	Python, C++, C# (Unity), Bash
<b>Bioinformatique</b>	VMD, GROMACS, AutoDock, HADDOCK, Chimera
<b>Web &amp; Data Viz</b>	Django (PostgreSQL), Plotly, HTML, CSS, Bootstrap 5
<b>Ingénierie logicielle &amp; CI/CD</b>	Git, GitHub Actions, Docker, pytest
<b>Langues</b>	Français (natif), Anglais (avancé), 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/