

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
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 Supervisé par Dr. Marc Baaden	Nov 2019 - Juin 2024
• Auteur principal d'un article de revue sur les simulations moléculaires interactives (IMS) [1] • 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] • 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] • Mise en place de pipelines CI/CD (GitHub Actions, Docker), facilitant la maintenance et la diffusion de la suite interactive en open-source	
Stagiaire en conception de médicaments en bioinformatique Équipe de bioinformatique et de biophysique, IMPMC · Sorbonne université, Paris Supervisé par Dr. Dirk Stratmann	Fev 2019 - Juin 2019

Stagiaire en analyse structurale en bioinformatique Atelier de bioinformatique (ABI), ISYEB · Sorbonne université, Paris Supervisé par Dr. Mathilde Carpentier	Juillet 2018
• 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# (Unity), Bash
Bioinformatique	VMD, GROMACS, AutoDock, HADDOCK, Chimera
Web & Data Viz	Django (PostgreSQL), Plotly, HTML, CSS, Bootstrap 5
Ingénierie logicielle & CI/CD	Git, GitHub Actions, Docker, pytest
Langues	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/

Projets personnels

OpenNutriLab Application web open source de nutrition

Janvier 2025 - Présent

🔗 github.com/lanzac/OpenNutriLab

- Développement d'une application web open source sous Python/Django, exploitant les bases de données publiques OpenFoodFacts et Ciqual (Anses) pour l'analyse des produits alimentaires et de leur composition nutritionnelle. Ce projet, à vocation de service public et d'aide à la décision en matière de nutrition, est en phase initiale mais en développement actif.

Environnement de développement : Python 3.13 & Django | Docker / DevContainer, Uvicorn | PostgreSQL | Bootstrap 5, Node.js & npm, Webpack | pytest, pyright | uv.