

Juliette Martin

DR2 CNRS

Laboratoire de Biologie et Modélisation de la Cellule - UMR 5239 - Inserm 1293- ENS de Lyon

Principales fonctions

Chercheuse en bioinformatique structurale au CNRS

Co-responsable d'équipe avec Riccardo Pellarin

Formation

2017 HDR Bioinformatique structurale des interactions protéine-protéine, Université Lyon 1

2005 Doctorat - Spécialité Analyse de Génome et Modélisation Moléculaire, Université Paris 7

2002 DEA d'Analyse de Génome et Modélisation Moléculaire (AGM2), Université Paris 7

2001 Diplôme d'Ingénieure en biochimie, INSA de Lyon

Carrière

2023- Directrice de Recherche CNRS 2ème classe, Laboratoire de Biologie et Modélisation de la Cellule - UMR 5239 - Inserm 1293- ENS de Lyon-

2008-2023 Chargée de recherche CNRS (CRCN) à l'Institut de Biologie et Chimie des Protéines UMR 5086 CNRS/UCBL, Lyon

2007-2008 Stage post-doctoral à l'Indian Institute of Science de Bangalore

2006-2007 Stage post-doctoral dans l'Equipe de Bioinformatique Génomique et Moléculaire INSERM U726/Université Paris 7

Encadrement

Encadrement de 2 chercheurs en post-doctorat, co-direction d'1 thèse de doctorat, encadrement de 15 étudiants niveau L3 à M2

Enseignement

~180 heures depuis 2002 principalement interactomique, docking protéine-protéine, visualisation de données au niveau M1-M2

Activités et responsabilités collectives

2011-2015 et 2021-2023 Elue au conseil de laboratoire

2013- Evaluation de projets pour l'INRIA, le CNRS, l'ANR, Idex Paris et Université Paris Cité

2014- Comités de sélection de poste MCU/PU section 64 Université Lyon 1 et Université Paris Cité

2016- Membre du jury du Master 2 In silico drug design Université Paris Cité

2016-2023 Membre du Comité Local d'Hygiène Sécurité et Conditions de Travail

2017 Organisation du workshop international: "Understanding protein interactions: from molecules to organisms", Lyon, 100 participants

2017- Rapporteuse ou examinatrice de jurys de thèse (13) et HDR (1)
2019- Membre du groupe environnement du laboratoire
2023 Référente Développement Durable

Publications

52 publications, 3 chapitres d'ouvrage

3 publications marquantes

- Pereira GP, Gouzien C, Souza PCT, [Martin J](#). Challenges in predicting PROTAC-mediated protein–protein interfaces with AlphaFold reveal a general limitation on small interfaces. *Bioinformatics Advances* 2025;5(1):vbaf056.
- Chaptal V, Gobet A, Moissonnier L, Zarkadas E, Magnard S, Bettler A, [Martin J](#), Terreux R, Schoehn G, Orelle C, Jault J-M, Falson P. Rhodamine6G and Hoechst33342 narrow BmrA conformational spectrum for a more efficient use of ATP. *Nat Commun* 2025;16(1):1745.
- [Martin J](#): AlphaFold2 Predicts Whether Proteins Interact Amidst Confounding Structural Compatibility. *J Chem Inf Model* 2024.

Brève description des thèmes de recherches

Mes travaux de recherche se situent à l'interface entre la biologie structurale, la bioinformatique et la modélisation moléculaire. Ils visent à mieux comprendre les interactions moléculaires, principalement les interactions protéine-protéine, à travers une combinaison d'approches structurales et computationnelles.

J'ai développé des outils de prédiction et travaillé sur l'évaluation critique de méthodes computationnelles (comparaisons de structures, approches bottom-up basées sur les propriétés physico-chimiques et structurales, docking, et plus récemment AlphaFold). Une autre partie de mes recherches s'intéresse à la dynamique structurale, avec l'utilisation de simulations de dynamique moléculaire et d'analyses en modes normaux. Ces approches ont permis d'explorer la flexibilité fonctionnelle d'assemblages macromoléculaires, notamment de complexes protéines–ARN, de transporteurs membranaires (ABC), ou d'enzymes allostériques. J'ai récemment intégré le LBMC à l'ENS de Lyon, et notre projet d'équipe porte sur l'étude multi-échelle et intégrative de la dégradation des protéines.

Dans l'ensemble, ma démarche vise à relier structure, dynamique et fonction en m'appuyant sur une expertise transversale en bioinformatique structurale.

Mots-clés : bioinformatique, biologie structurale, relations structure-fonction, modélisation, deep learning, interactions protéine-protéine