

Stage Master 2 : Développement d'applications pour l'analyse fonctionnelle de microbiotes.

Nom de la structure d'accueil : [UMR GenPhySe INRA Toulouse](#)

Adresse : Chemin de Borde Rouge 31326 Castanet Tolosan

Contacts : Géraldine PASCAL - geraldine.pascal@inra.fr

Nom de l'entreprise ou du laboratoire :

INRA, laboratoire Génétique, Physiologie et Système d'élevage (GenPhySE), équipe Nutrition et Ecosystèmes Digestifs (NED).

Titre du stage :

Développement d'une application pour l'analyse fonctionnelle de microbiotes.

Date du début du stage:

selon les dates prévues dans le cadre du master

Mots clés résumant les méthodes et techniques à utiliser au cours du stage :

OTU, FROGS, MACADAM, python, webserver, application Galaxy.

Résumé du projet de stage :

Aujourd'hui il existe deux outils développés par notre équipe, le logiciel FROGS (Escudié, et al 2018) et la base de données MACADAM (Le Boulch, et al. 2019). FROGS (Find, Rapidly, Otus with Galaxy Solution) a été développé en python. C'est un ensemble de 23 outils fonctionnant en ligne de commande et sous Galaxy dédiés à l'analyse de données issues de séquençage métabarcoding de microbiotes de tous types. MACADAM (MetAboliC pAthways DAtabase for Microbial taxonomic groups) est une base de données métaboliques permettant l'exploration des capacités métaboliques potentielles des bactéries et des archées. Elle a été développée en SQLite et un script en python ainsi qu'un site web permet de l'explorer. Le but du stage proposé est de connecter ces deux outils à l'aide d'une application python qui devra être utilisable en ligne de commande et qui devra aussi fonctionner soit *via* le site web de MACADAM soit *via* un nouvel outil Galaxy. La première partie du stage devra permettre au/à la stagiaire de s'imprégner de la base de données MACADAM ainsi que de son script d'exploration. Puis, après avoir compris le fonctionnement de FROGS et le format de ses fichiers de sortie, il/elle devra faire correspondre les deux outils. Un squelette de script a déjà été développé mais attend à être repris, amélioré et finalisé. L'application développée, le/la stagiaire comparera un premier jeu de données issues de séquençage métabarcoding 16S dont les données fonctionnelles seraient issues de l'exploration de MACADAM avec un second jeu de données fonctionnelles issues de l'annotation d'un séquençage de métagénomique shotgun.

Montant des indemnités de stage :

Gratification de stage à 3.75 €/heure. Seuls les jours ouvrés de présence sont comptés. Pas de forfait mensuel.

petit plus: prix modeste pour les étudiant du repas au restaurant d'entreprise