



Offre de stage

Analyses bioinformatiques des données de séquençage "long reads" pour la méta-génomique/transcriptomique du microbiome salivaire canin.

Unité : IGDR (Institut de Génétique et de Développement de Rennes), UMR6290 Université de Rennes, CNRS – Rennes, France.

Encadrement : Frédérique HUBLER (fhubler@univ-rennes1.fr, CNRS), Thomas DERRIEN (tderrien@univ-rennes1.fr, CNRS) et Sébastien LEUILLET (sebastien.leuillet@mxns.com, Biofortis Mérieux NutriSciences).

Description : Stage de master 2 en bioinformatique proposé dans le cadre d'un projet collaboratif entre l'IGDR de Rennes et la société Biofortis Mérieux NutriSciencesde, Saint-Herblain.

Contexte & problématique : Dans le cadre de l'analyse de l'impact des microbiotes sur le développement de différentes maladies comme le mélanome oral, un des enjeux actuels est de se soustraire à l'amplification par PCR de l'ARNr 16S qui génère des biais expérimentaux et ne permet pas toujours de résoudre des espèces étroitement apparentées. Le séquençage direct (shotgun) de tous les ADN (métagénomique, métaG) et ARN (métatranscriptomique, métaT) présents dans un environnement étudié présente l'avantage de récupérer les micro-organismes sous-représentés, souvent masqués par des espèces à forte abondance. Le séquençage long-reads (Oxford Nanopore, PacBio) offre une solution intéressante mais présente encore un taux d'erreur élevé.

Missions : Au sein de l'équipe de "Génétique du chien", vous contribuerez au développement d'un pipeline d'analyse des données brutes de séquençage des métaG et métaT oraux canins obtenues par l'équipe à l'aide de la technologie Oxford Nanopore "Minion". L'objectif sera ici d'évaluer des outils existants pour déterminer les signatures génomiques (métaG des micro-organismes : bactéries, virus, champignons) et la partie fonctionnelle métaT des micro-organismes et de l'hôte (mRNA, miRNA, lncRNA).

Vous évoluerez dans une équipe polyvalente et pluridisciplinaire entre bioinformatique et microbiologie au cours de votre stage. Vous serez amené à réaliser des études comparatives (benchmarking) de différents outils et méthodes existants, mettre en place des tests pour chaque étape (MétaG et MétaR) et finalement déployer un pipeline optimisé sur un serveur (github) pour chaque analyse .

Nous cherchons un(e) étudiant(e) intéressé(e) par le développement de pipelines bioinformatiques d'analyses et l'étude des microbiotes. Des compétences de bases en programmation (Python, Bash, R...) seront nécessaires. Le candidat devra pouvoir communiquer en anglais, notamment avec le partenaire industriel.

Gratification : ~570 €/mois.

Période et durée : À partir de Janvier 2020 pour une durée de 6 mois.

Lieu du stage : Le (la) stagiaire sera localisé(e) à l'IGDR de Rennes (Campus Santé, Villejean, 35) et des déplacements de travail avec Biofortis seront prévus sur Nantes (44).



Offre de stage

Contacts : Frédérique HUBLER (fhubler@univ-rennes1.fr, CR CNRS), Thomas DERRIEN (tderrien@univ-rennes1.fr, CR CNRS) et Sébastien LEUILLET (sebastien.leuillet@mxns.com, Biofortis Mérieux NutriSciences).

Pour candidater, merci de **joindre un curriculum vitae** ainsi qu'une **lettre de motivation** succincte.