Analyse de données métabolomiques et génomiques pour résoudre un problème de bien-être animal

Proposition de stage niveau M1 (été 20019) ou M2 (printemps 2019)

Unité MIAT, INRA de Toulouse

Pour postuler envoyer CV, lettre de motivation et dernier relevé de notes à subpig@nathalievialaneix.eu

Problématique du stage

La mortalité chez les jeunes cochons est un **problème social et éthique lié au bien-être animal**. L'augmentation du nombre de cochons par portée a été accompagnée, ces dernières années, d'une hausse de la mortalité à la naissance de l'ordre de 10/20 %. Ce stage s'inscrit dans le cadre du projet SubPig dont le but est de comprendre et d'essayer de réduire cette surmortalité. Plus précisément, le projet SubPig vise à proposer une nouvelle stratégie pour trouver des biomarqueurs indicateur d'un sur-risque de mortalité mais aussi du statut métabolique des nouveaux-nés. Pour cela, de nombreux prélèvements (sang, plasma, urine) ont été réalisés sur des portées tests. Ces prélèvements ont ensuite été analysés biologiquement et ont produit des données métabolomiques (renseignant sur les métabolites présents dans les échantillons collectés) et génomiques.

L'objectif de ce stage est de procéder à l'**analyse statistique de ces données** afin d'extraire les éventuels métabolites et gènes d'intérêt pour le biologiste.

Travail à effectuer

Ce stage s'inscrit dans la suite d'une série de travaux effectués récemment à l'INRA, que ce soit sur le développement de nouvelles méthodes statistiques d'analyse des données **métabolomiques** [2] et **génomiques** [1] ou sur l'analyse biologique de ce type de résultats sur les porcelets [3].

L'étudiant aura pour première tâche de s'approprier ces données, les méthodes d'analyse statistique (basée sur de **des analyses factorielles, des tests type analyse de variance et/ou des régressions linéaires et PLS**) ainsi que les outils pour faire ces analyses. Dans un second temps, l'étudiant devra analyser les données du projet et faire émerger d'éventuels **biomarqueurs d'intérêt** pour les biologistes. Enfin, l'étudiant pourra, selon le temps imparti, pousser l'analyse et l'**intégration des données** jusqu'à une publication scientifique avec les biologistes du projet.

L'implémentation des méthodes ainsi que le travail d'analyse seront effectués à l'aide du logiciel R et des packages/routines déjà développés par l'équipe d'encadrement du stage.

Conditions du stage

durée 3 mois (si M1) ; 4 à 6 mois (si M2)

localisation Unités MIA-T et/ou GenPhySE, INRA de Toulouse (Castanet-Tolosan)

rémunération taux légal (environ 550 euros par mois)

encadrement Gaëlle Lefort, Laurence Liaubet, Rémi Servien, Nathalie Vialaneix
Contact : subpig@nathalievialaneix.eu

Profil recherché

- Master 1 ou Master 2 en mathématiques appliquées ou équivalent en école d'ingénieur ;
- maîtrise de R ;
- bonnes connaissances théoriques en statistiques, machine learning ;
- aucune connaissance préalable en biologie n'est nécessaire mais un goût pour ce domaine appliqué serait un plus.

Références

[1] M. Marti-Marimon, N. Vialaneix, V. Voillet, M. Yerle-Bouissou, Y. Lahbib-Mansais, and L. Liaubet. A new approach of gene co-expression network inference reveals significant biological processes involved in porcine muscle development in late gestation. *Scientific Report*, 8 :10150, 2018.

[2] P. Tardivel, C. Canlet, G. Lefort, M. Tremblay-Franco, L. Debrauwer, D. Concordet, and R. Servien. ASICS : an automatic method for identification and quantification of metabolites in complex 1D 1H NMR spectra. *Metabolomics*, 13(10) :109, 2017.

[3] Y. Yao, V. Voillet, ..., L. Liaubet, and I. Le Huërou-Luron. Comparing the intestinal transcriptome of Meishan and Large White piglets during late fetal development reveals genes involved in glucose and lipid metabolism and immunity as valuable clues of intestinal maturity. *BMC Genomics*, 18(1) :647, 2017.