

 Centre  
Île-de-France – Jouy-en-Josas

Pour répondre à ces questions, plusieurs projets internationaux, tels que FAANG et FarmGTEx, produisent des données décrivant le fonctionnement du génome dans différents tissus et à différents moments de la vie de l'animal. Ces ressources apportent des informations précieuses sur l'expression et la régulation des gènes. Elles restent néanmoins difficiles à mobiliser conjointement, car elles sont réparties entre différentes plateformes et proposées sous des formats variés.

En parallèle, de nouveaux outils bioinformatiques permettent de prédire les conséquences possibles d'un variant génétique, par exemple sur l'épissage, la régulation ou l'expression des gènes. La combinaison de ces prédictions avec les données expérimentales disponibles constitue une voie prometteuse pour mieux comprendre le rôle biologique des variants et interpréter les résultats des études génétiques.

L'objectif du stage sera de développer un prototype informatique permettant de rassembler et de présenter, dans un même environnement, différentes informations utiles à l'interprétation de variants génétiques bovins.

À partir d'une liste de variants ou de régions génomiques d'intérêt, l'outil pourra notamment :

- rechercher les gènes et les éléments fonctionnels situés à proximité ;
- interroger une sélection de ressources publiques d'annotation du génome bovin ;
- intégrer les résultats produits par certains outils de prédiction ;
- organiser les informations recueillies dans un format homogène ;
- proposer une visualisation simple et interactive des résultats.

Le choix précis des ressources et des outils à intégrer sera défini au début du stage, en fonction de leur intérêt biologique, de leur accessibilité et du temps disponible. Le travail sera appliqué à un ou plusieurs jeux de données bovines afin d'évaluer la pertinence et la facilité d'utilisation du prototype.

Le stage comprendra ainsi une phase de découverte des ressources existantes, une phase de développement informatique, puis une phase d'application et de validation sur des exemples biologiques concrets.

L'étudiant-e sera accompagné-e par une équipe possédant des compétences complémentaires en bioinformatique, en génétique quantitative et en génomique fonctionnelle.

Une maîtrise de base d'un langage tel que Python ou R est souhaitée.