

Entreprise/Organisme : Sorbonne Université

Niveau d'études : Master 2

Sujet : **Analyse comparative de la pathologie moléculaire des maladies neuro-dégénératives à l'aide de nouvelles méthodes de transport optimal appliquées aux graphes**

Date de début : Janvier 2025

Durée du contrat : 6 mois

Secteur d'activité : Recherche et enseignement

Contexte : L'équipe Brain-C de l'Institut de Biologie Paris-Seine (IBPS) développe plusieurs projets de recherche originaux visant à comprendre la dynamique des mécanismes de compensation neuronale au cours de la progression des maladies neuro-dégénératives (MD) comme la maladie de Huntington et la sclérose amyotrophique latérale (ALS). L'équipe, pluridisciplinaire, se compose de biologistes et de mathématicien.e.s et s'appuie sur un réseau de collaborateur.rice.s locaux et internationaux, aussi bien pour la production de données multi-omiques que pour leur analyse. Dans ce cadre, l'équipe Brain-C dispose de grands jeux de données temporelles (RNA-seq, ChIP-seq) obtenus dans des populations neuronales spécifiques, notamment dans les modèles souris, qu'elle analyse à des fins d'innovation thérapeutique (sélection de cibles). Cf <https://www.ibps.sorbonne-universite.fr/fr/Recherche/umr-8256/brainc>

Description : En collaboration avec l'Ecole Polytechnique et Telecom Paris, l'objectif du stage est d'identifier à une échelle fine les points communs et les différences dans les dynamiques moléculaires de ces maladies. La dérégulation à l'échelle du génome est modélisée à l'aide de graphes. Le transport optimal permet de disposer d'une métrique adaptée à la comparaison de tels objets à différents niveaux de granularité.

Résultats attendus :

- Proposer un clustering pour comparer les MD.
- Identifier les sous-structures dans ces graphes portant la similarité ou la divergence et les interpréter en termes de mécanismes biologiques
- Effectuer un recensement des problématiques posées qui seront ensuite développées dans le cadre d'un futur projet de thèse.

Profil recherché : Étudiant.e.s en 2ème année de Master de Mathématique ou d'Informatique ou Elève des Grandes Ecoles d'ingénieur avec une forte appétence pour l'IA, la biologie et la recherche translationnelle. Bonne maîtrise de python ou d'au moins un langage de programmation.

Contacts : Christian.neri@inserm.fr, lucile.megret@sorbonne-universite.fr