

## Offre de stage de master 2 en bioinformatique appliqué à la recherche en cancérologie

Lieu: Institut de Cancérologie de l'Ouest, Angers/Nantes, France

Labo: unité omiques et data science / ICO

Supervision: Agnès Basseville, chercheuse ICO

Titre: Etude du système nerveux tumoral dans les cancers du sein par transcriptomique spatiale

### Contexte

Le cancer du sein est l'une des principales causes de mortalité par cancer chez la femme. La mortalité est majoritairement due aux cancers métastatiques, plus difficile à traiter. Certains cancers du sein métastatiques le sont d'emblée au diagnostic, mais une majorité résulte d'évolutions de la maladie initiale suite à un échappement aux traitements initiaux. Le microenvironnement tumoral a été identifié comme une cause importante d'échec des traitements. Il est en effet inextricablement impliqué dans la progression du cancer - du carcinome in situ à l'invasion locale et la dissémination - et plusieurs de ses composants ont été associés à la récurrence des cancers mammaires. Or le microenvironnement est très hétérogène, avec une composition variant énormément entre patientes. Cette variabilité plaide en faveur d'approches personnalisées, nécessitant l'identification de nouveaux biomarqueurs pour mieux caractériser les caractéristiques biologiques tumorales et guider les choix thérapeutiques.

Dans cette optique, notre équipe développe des projets basés sur l'alliance entre la modélisation mathématique et l'exploration biologique *in silico* à partir de données transcriptomiques afin de trouver de nouveaux biomarqueurs prédictifs de réponse au traitement ou de nouvelles cibles thérapeutiques potentielles. Ainsi, une analyse préalable nous a permis d'identifier certains composants du système nerveux tumoral comme nouveaux biomarqueurs de réponse à l'hormonothérapie ([Basseville et al., Cancer Res Commun, 2022](#)). Nous souhaitons maintenant comprendre les mécanismes biologiques sous-jacents.

### Objectifs

Le projet vise à identifier de nouveaux acteurs du dialogue entre les nerfs tumoraux, les cellules cancéreuses, et les autres cellules du microenvironnement tumoral dans les cancers du sein hormono-dépendant, en vue de 1/ décrypter l'implication du système nerveux dans le développement tumoral, 2/ identifier de nouvelles voies biologiques comme potentielles futures cibles de traitement et 3/ rechercher de potentiels nouveaux biomarqueurs de réponse au traitement pour une utilisation clinique en médecine personnalisée.

### Méthodologie

Le projet portera sur l'analyse de données de transcriptomique spatiale (technologie Visium 2D) issues d'échantillons issus des bases de données publiques (n=20/30) et de patientes suivies à l'ICO (n=10). L'analyse bioinformatique sera réalisée en R et Python, et comprendra inférence cellulaire, analyse de voisinage et d'interactions cellulaires, analyse de trajectoires, et comparaison de différentes méthodes pour valider les résultats. Les outils et méthodes seront sélectionnés en fonction de leur pertinence et de leurs performances documentées dans la littérature.

### Encadrement et environnement

Le stage se déroulera au sein de l'[unité omiques et data science](#) composée de bioinformaticiens, mathématiciens et biologistes. Plusieurs de ses membres sont également affiliés à l'[équipe 7 du CRCI2NA](#).

### Profil du candidat / de la candidate

Nous recherchons un(e) étudiant(e) en Master 2 en bio-informatique avec une bonne maîtrise des langages de programmation R et/ou Python et une bonne autonomie. La connaissance en analyse de données omiques (single cell, bulk, spatial omics...) est un plus.

Pour postuler, merci d'envoyer un CV académique et une lettre de motivation à [agnes.basseville@ico.unicancer.fr](mailto:agnes.basseville@ico.unicancer.fr)