

Projet bioinformatique

Master Bioinfo@Lyon

2020-2021



UMR INRA/INSA Lyon 0203 - Biologie Fonctionnelle, Insectes et Interactions (BF2i)

Directeur du laboratoire : Abdelaziz HEDDI

Campus LyonTech La Doua - INSA Lyon

Bâtiment Louis Pasteur

11 av. Jean Capelle, 69621 Villeurbanne cedex - France

Tél : +33(0)4 72 43 83 56 - Fax : +33(0)4 72 43 85 43

bf2i@insa-lyon.fr - <http://bf2i.insa-lyon.fr/>

Contact : Nicolas Parisot nicolas.parisot@insa-lyon.fr

Intitulé du projet : Création d'une application R Shiny pour la visualisation des données de RNA-seq du puceron du pois *Acyrtosiphon pisum*.

Description du projet :

Le laboratoire BF2i s'intéresse aux interactions biologiques complexes entre des insectes ravageurs d'importance agronomique (charançons et pucerons) et leurs partenaires biologiques directs (plante-hôte, micro-organismes symbiotiques). L'objectif finalisé de ces recherches est d'apporter des outils et de définir de nouveaux concepts pour le développement de pratiques agronomiques durables et respectueuses de la santé humaine et des agroécosystèmes.

Dans ce but, le laboratoire mène de nombreuses études transcriptomiques sur ses modèles d'études, le puceron du pois *Acyrtosiphon pisum* et le charançon *Sitophilus oryzae*. L'accumulation de données transcriptomiques à l'échelle de notre laboratoire et plus largement à l'échelle de la communauté scientifique internationale travaillant sur ce modèle, nous amène à devoir gérer des volumes de données importants et complexifie les possibilités de visualisation et comparaison des différentes données disponibles. Le laboratoire BF2i a donc développé un prototype d'application R Shiny pour faciliter la visualisation des données d'expression obtenues chez le puceron du pois.

L'objectif de ce projet est donc de finaliser cette application R Shiny et d'y intégrer l'ensemble des données transcriptomiques disponibles sur ce modèle.

Matériel de départ :

Le laboratoire dispose des matrices d'expression des gènes du puceron du pois obtenues dans différentes conditions expérimentales. Les étudiants auront également à leur disposition le prototype R Shiny développé précédemment.

Cahier des charges :

Dans un premier temps les étudiants devront questionner les utilisateurs pour faire l'inventaire des fonctionnalités à rajouter à l'application existante. Une fois le cahier de charges établi, les étudiants pourront travailler à l'implémentation des nouvelles fonctions de visualisation. Enfin, les étudiants procéderont à l'ajout, sur l'application R Shiny, des différentes matrices d'expression des gènes du puceron disponibles au laboratoire.