**Stage de M1 recherche en bioinformatique**

**Localisation :**

Laboratoire TIMC-IMAG - équipe BCM

Grenoble, France

Contact : magali.richard@univ-grenoble-alpes.fr

**Contexte scientifique et projet :**

Il existe une grande hétérogénéité tumorale entre les patients atteints de cancer. Cette variabilité diminue considérablement l’efficacité des traitements thérapeutiques. Malheureusement, quantifier et analyser cette hétérogénéité est très difficile. Nous proposons un projet d’exploration de l’hétérogénéité tumorale à partir de l’étude de la méthylation de l’ADN.

Le stagiaire sera en charge de développer un pipeline informatique pour traiter des données publiques de méthylation haut débit (450K, 800K, RRBS, WGBS). Il devra réaliser une analyse statistique sur des données expérimentales produites par l’équipe (puces 850K produites à partir de différentes souches de cellules) afin d’identifier : (i) des régions différentiellement méthylées entre les conditions expérimentales et (ii) des régions dont la variance de la méthylation évolue entre les différentes conditions expérimentales. Enfin, le stagiaire utilisera des jeux de donnés publiques pour étudier l’impact du statut épigénétique des régions qu’il aura identifiées sur la survie des patients atteints de cancer (analyse pan-cancer sur les données du TCGA).

**Profil recherché :**

- Formation (niveau Master, école d’ingénieur, ou équivalent) en bioinformatique

- Compétences avancées en programmation scientifique (R ou équivalent).

- Aptitudes à gérer et utiliser des données massives de type ‘omique’.

- Fort intérêt pour les applications biologiques ou médicales.  
- Capacité à travailler en équipe dans un contexte interdisciplinaire.

- Maîtrise courante de l’anglais.

Envoyer un CV, une lettre de motivation et 2 lettres de recommandation par courriel à magali.richard@univ-grenoble-alpes.fr