

Stage de M2 recherche

Localisation :

Laboratoire TIMC-IMAG - équipe BCM
Grenoble, France
Contact : magali.richard@univ-grenoble-alpes.fr

Contexte scientifique et projet :

Chaque tissu est composé de différents types cellulaires. L'équilibre de sa composition est soumis à régulation assurant ainsi un fonctionnement optimal. Un type cellulaire donné est caractérisé par un certain niveau de variabilité ou plasticité intrinsèque, également fortement contrôlé. Récemment, de nombreuses études ont démontré le rôle crucial joué par ces différents niveaux d'hétérogénéité intra-tumorale sur l'initiation, le développement et la virulence du cancer.

Dans ce projet, nous proposons (i) de développer des méthodes et des modèles innovants permettant de mieux caractériser la dérégulation génétique dans les cellules tumorales, et (ii) de détecter des associations entre ces facteurs et l'hétérogénéité intra-tumorale.

En exploitant les nombreuses données massives moléculaires existantes (transcriptomes et méthylomes), nous développons une approche originale à l'interface de la biostatistique, de la bioinformatique, et de la génétique quantitative. Ceci permettra, à long terme, la mise en place de stratégies de médecine personnalisée adaptées à l'hétérogénéité et la stochasticité propre à chaque patient.

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