

Durée

6-7 mois, à partir de janvier 2018

Lieu

Plateforme GeT-TRiX, Toulouse, France

Contexte

Le stage est proposé sur le site TRiX de la plateforme technologique GeT et hébergé au sein de l'unité de recherche ToxAlim. Le plateau GeT-TRiX propose notamment un service d'analyses transcriptomiques « clé en main » par la technologie des puces à ADN (microarray) : du contrôle qualité des échantillons biologiques jusqu'à la réalisation d'analyses biostatistiques des données produites. Le plateau a mis en place un service d'analyse biostatistique de données transcriptomiques via l'utilisation de packages dédiés sous environnement R et en développant des scripts d'analyse afin de traiter les données ; depuis leur contrôle qualité jusqu'aux analyses différentielles, multivariées ou également d'enrichissement fonctionnel.

Les résultats d'analyse transcriptomiques fournis aux utilisateurs sont parfois difficiles à explorer pour des biologistes non familiers avec les analyses omiques et/ou l'environnement R. Il leur est par ailleurs difficile de réaliser des représentations graphiques supplémentaires sur leurs données.

Description du stage

Afin que les biologistes puissent explorer de façon « autonome » leurs jeux de données et générer des représentations graphiques, nous proposons ce sujet de stage dont l'objectif est de « mettre en place un environnement graphique pour l'exploration des résultats d'analyse transcriptomique ».

Pour parvenir à la réalisation de cet objectif, les étapes suivantes seront abordées :

- Identifier les fonctionnalités d'exploration demandées par les biologistes
- Identifier une solution qui permette de fournir un environnement graphique sous R (par exemple Rbokeh, Shiny, ...)
- Développer la solution choisie avec les fonctionnalités d'intérêt
 - Chargement de données, filtrage de données, résumé
 - Génération de graphiques (ACP, heatmaps, venn, ...) avec paramètres graphiques (couleur, taille, ...)
 - Export de graphiques et tableaux
 - Autres fonctionnalités proposées...
- Tester la solution déployée avec un biologiste
- Rédiger une notice d'utilisation

Ces travaux permettent de réaliser une interface entre l'analyse biostatistique et les biologistes. Le stagiaire sera donc amené à interagir étroitement avec des biologistes du laboratoire qui réalisent des études transcriptomiques.

En perspective, cette démarche pourra être déclinée/généralisée pour d'autres types d'analyses omiques à destination des biologistes.

Profil/compétences

Le stage s'adresse à des étudiants de Master 2 ayant connaissance de l'analyse de données omiques, notamment transcriptomiques (si possible). Il/elle devra mobiliser les compétences suivantes :

- maîtrise de R : analyses statistiques , graphiques, développement de scripts/fonctions/packages
- connaissance du domaine (biologie, transcriptomique)
- rigueur et capacités de communication seront appréciées

Encadrement

L'étudiant(e) sera encadré(e) par Yannick Lippi, Ingénieur en traitement de données et responsable du plateau Get-TRiX. Il aura à sa disposition les ressources informatiques disponibles sur le plateau et l'unité.

Contact

Envoi de CV et lettre de candidature par courriel à Yannick Lippi:

yannick.lippi@inra.fr ; get-trix@genotoul.fr

Plateau GeT-TRiX

ToxAlim UMR 1331 INRA/INP/UPS

180 chemin de Tournefeuille - BP 93173

31027 Toulouse Cedex 3

FRANCE

Téléphone: +33 (0)5 82 06 64 01

<http://get.genotoul.fr/>

<http://www6.toulouse.inra.fr/toxalim/Plateformes-Technologiques/E23-TRiX>