



*Proposition de stage de **master 2**
Interface physique - biologie - calcul scientifique*

Établissement d'une carte phénotypes / interactions / localisations de gènes, combinant les données de l'équipe et de bases de données publiques.

Approche de l'équipe

Comment un système biologique peut-il remplir sa tâche avec une extraordinaire efficacité et robustesse malgré sa grande complexité et variabilité ? L'équipe s'intéresse à cette question dans le cadre de la division cellulaire. Elle vise à la comprendre et à la modéliser, avec un intérêt particulier pour la mécanique des divisions asymétriques et ce, en partant des propriétés des composants élémentaires tels les microfilaments, leurs régulateurs et les moteurs moléculaires. L'équipe est interdisciplinaire : elle combine biologie, microscopie et modélisation biophysique basée sur une quantification des expériences par la physique expérimentale, l'analyse d'image et du signal.

Contexte du stage

Dans le cadre de la modélisation de la mécanique de la division cellulaire, l'équipe génère des données phénotypes très détaillées sur des gènes pris dans diverses voies de signalisation. Ces gènes sont choisis pour leur rôle potentiel dans la mécanique de la division cellulaire, tel le positionnement du fuseau, la localisation des générateurs de force ou la régulation mécanique de la longueur du fuseau. Toutefois, un système tel que le fuseau mitotique ne peut être compris sans envisager l'interaction de ses nombreux composants. Ses propriétés spécifiques vont au-delà de la "somme" des caractéristiques individuelles de ses composants. Dans cette perspective, il est important d'identifier les autres acteurs impliqués dans les mêmes voies. Tirant avantage des nombreuses données disponibles, il paraît judicieux de former une carte combinant : (i) les interactions démontrées chez le nématode, voire celle supposée via les homologies en particulier avec l'homme ; (ii) les données phénotypiques des banques de données et de l'équipe ; (iii) la localisation des protéines correspondantes (souvent basée sur des travaux chez l'homme). Enfin, au travers d'une pondération de la proximité de chaque gène, envisager un regroupement en *clusters*.

Déroulement typique du stage

L'objectif du stage sera défini précisément avec l'étudiant en fonction de ses compétences et de ses attentes. Il comprendra les étapes suivantes :

- Adaptation d'une plateforme modulaire de visualisation ;
- Établir une méthode pour annoter utilement la base de données phénotypique de l'équipe ;
- Interroger les bases de données telles *wormbase*, *mitocheck*, *BaCe*, *phenobank*... pour construire une carte multidimensionnelle ;
- Analyser cette carte et en particulier mettre en évidence des *clusters* révélant des gènes potentiellement dans une voie similaire.

Contact: Jacques Pécreaux : jacques.pecreaux@univ-rennes1.fr (pecreaux.openwetware.org)
IGDR, CNRS UMR 6061 - Faculté de Médecine (Univ. Rennes 1)
2 avenue du Pr L. Bernard, 35000 Rennes cedex, France