

Formulaire de stage (sur une page maximum)
Parcours M2 GGBS 2023-24

Laboratoire : l'institut du thorax, Inserm UMR 1087/CNRS UMR 6291

N° d'équipe : Équipe 4 : Pathologies Cardiométaboliques

Nom-Prénom de l'encadrant : Rimbert Antoine (<https://orcid.org/0000-0002-2971-4926>)

Courriel de l'encadrant : antoine.rimbert@univ-nantes.fr

Titre du stage :

Création et utilisation de scores de risques polygéniques dans les pathologies métaboliques et cardiovasculaires

Résumé du projet proposé :

Le génotypage et le séquençage génome entier permettent d'identifier des facteurs génétiques associés aux risques des pathologies humaines. Alors que chaque variant génétique identifié augmente faiblement le risque de maladie, la combinaison d'ensembles de variants permet d'estimer le risque génétique d'un individu de développer la pathologie par des scores de risques polygéniques (ou PRS).

Ces PRS sont actuellement utilisés à des fins de recherche mais leur utilisation dans la prise en charge clinique est en cours de déploiement. Aussi, ces PRS peuvent être utilisés comme instruments génétiques pour des études plus vastes d'études de co-association, et de causalité entre des facteurs de risques et les pathologies associées.

Le stage proposé visera à mettre en place le calcul de scores de risques polygéniques pour des facteurs de risques métaboliques (lipides plasmatiques, facteurs inflammatoires etc.). Ces PRS seront utilisés comme outils génétiques pour déterminer les liens d'association génétique et de causalité entre des facteurs métaboliques et les pathologies cardiovasculaires (pathologies coronariennes et valvulaires cardiaques) par des approches de randomisation Mendélienne. Le stage s'effectuera au sein de l'institut du thorax en collaboration entre l'équipe IV et I. <https://umr1087.univ-nantes.fr/research/research-teams/iv-dyslipidemias-and-lipototoxicity>
<https://umr1087.univ-nantes.fr/research/research-teams/i-cardiovascular-genetics>

Profil et compétences de l'étudiant(e) recherché(e) :

- Connaissance approfondie dans l'utilisation de R
- Expérience en écriture et utilisation de workflow (e.g. snakemake)
- Expérience en manipulation de fichier sous unix et connaissance d'une arborescence de fichier
- Connaissance en génétique serait un plus
- Connaissance de base en test statistique

