

## Formulaire de proposition de stage de Master 1 en Bioinformatique

Période de stage : 3 Avril au 26 Mai 2023

Titre du stage	Développement d'une interface web statique pour une base de données d'interaction protéiniques hôte-bactérie
Nom/acronyme du laboratoire d'accueil	Theories and Approaches of Genomic Complexity (TAGC UMR_S1090)
Adresse ou site web du laboratoire d'accueil	<a href="http://tagc.univ-amu.fr">http://tagc.univ-amu.fr</a>
Nom, Email et Tel du Maître de stage	Andreas ZANZONI, <a href="mailto:andreas.zanzoni@univ-amu.fr">andreas.zanzoni@univ-amu.fr</a> , +33 4 91 82 87 12
Descriptif du stage	<p>Les bactéries commensales et/ou pathogènes sécrètent et injectent des protéines effectrices dans la cellule hôte pour cibler plusieurs voies de signalisation afin de garantir leur survie [1].</p> <p>Actuellement, un peu plus de dix-mille interactions entre des protéines bactériennes et des protéines humaines ont été répertoriées dans les bases de données d'interactions (<i>i.e.</i>, IntAct, MINT, BioGrid).</p> <p>Dans le cadre d'un projet européen [2], nous avons généré plusieurs milliers des nouvelles interactions entre les protéines humaines et les protéines sécrétées par les Protobactéries intestinales commensales, en combinant des approches expérimentales et computationnelles.</p> <p>Récemment, nous avons implémenté un workflow pour rassembler et traiter les données d'interactions protéine-protéine afin d'intégrer ces nouvelles interactions avec les interactions déjà connues dans une nouvelle base de données qui sera nommée BactMentha. De plus, le workflow utilise une méthode que nous avons développé (<i>mimicINT</i>) [3] qui permet prédire les interfaces impliquées dans les interactions de la base de données, fournissant ainsi des informations moléculaires qui pourraient être utiles pour la compréhension de la perturbation des réseaux de la cellule hôte par les bactéries.</p> <p>Il s'agit maintenant de :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Finaliser la déclaration des règles de maintien de l'intégrité référentielle et la construction de la base de données à l'aide d'un système de gestion de base de données (MySQL ou PostgreSQL) ;</li> <li>- Définir les requêtes SQL et réaliser une interface web statique (HTML et CSS) pour la consultation et la visualisation du contenu de la base de données.</li> </ul> <p>Le stage sera réalisé dans le cadre d'une collaboration avec l'équipe Bioinformatique et Biologie Computationnelle de l'Université de Rome « Tor</p>



	<p>Vergata » (Italie), qui a développé, et gère actuellement, plusieurs bases de données d'interactions protéine-protéine (ex. MINT, Mentha, VirusMentha) [4-6].</p> <p><b>Encadrement</b></p> <p>Vous évoluerez au sein de l'équipe Network Biology du TAGC dirigée par Christine BRUN. L'encadrement sera effectué par Andreas ZANZONI, Maître de Conférences en bioinformatique, ainsi que Mégane BOUJEANT, Ingénieure d'Etude en bioinformatique, et Lionel SPINELLI, Ingénieur de Recherche en bioinformatique.</p> <p>Nous utilisons des méthodes de gestion de projet adaptées de la méthode Agile SCRUM qui se base sur la définition précise de tâches sur des périodes définies (sprint) et sur des interactions dynamiques et fréquentes entre les personnes impliquées dans le projet.</p> <p>Vous recevrez les formations sur les technologies qui vous feraient défaut (Docker, Snakemake...) afin de vous permettre d'effectuer le stage dans les meilleures conditions.</p> <p>Une attention particulière sera apportée à la rédaction de votre rapport de stage et à l'oral de votre soutenance.</p>
<b>Confidentiel</b> (O/N)	N
<b>Compétences attendues</b> (e.g. analyses RNAseq ou réseaux, génomique comparative, phylogénie, interface web/database)	<p>Programmation en Python, SQL, HTML et CSS.</p> <p>Facultatif : connaissance de base du framework Django.</p>
<b>Bibliographie</b> (liens/Pubmed ID)	<p>[1] Via A, Uyar B, Brun C, Zanzoni A. (2015) How pathogens use linear motifs to perturb host cell networks. <i>Trends in Biochemical Sciences</i>, 40(1):36-48. DOI: 10.1016/j.tibs.2014.11.001.</p> <p>[2] <a href="https://www.healthydietforhealthylife.eu/index.php/joint-actions/hdhl-intimic">https://www.healthydietforhealthylife.eu/index.php/joint-actions/hdhl-intimic</a></p> <p>[3] Choteau SA, Cristianini M, Maldonado K, Drets L, Boujeant M, Brun C, Spinelli L, Zanzoni A. (2022) <i>mimicINT</i>: a workflow for microbe-host protein interaction inference. <i>BioRxiv</i>. DOI: 10.1101/2022.11.04.515250.</p> <p>[4] Licata L et al. (2012) MINT, the molecular interaction database: 2012 update. <i>Nucleic Acids Research</i>, 40(Database issue): D857-61. DOI: 10.1093/nar/gkr930.</p> <p>[5] Calderone A, Castagnoli L, Cesareni G. (2013) mentha: a resource for browsing integrated protein-interaction networks. <i>Nature Methods</i>, 10(8):690-1. DOI: 10.1038/nmeth.2561.</p> <p>[6] Calderone A, Licata L, Cesareni G. (2015) VirusMentha: a new resource for virus-host protein interactions. <i>Nucleic Acids Research</i>, 43(Database issue):D588-92. DOI: 10.1093/nar/gku830.</p>
<b>Equipement informatique disponible</b> (O/N)	OUI (Workstation Dell avec écran 27").