



Offre de stage	<b>Stagiaire de Master 2 « Implémentation d'une analyse de pangenome graph pour l'investigation des épidémies » entité SPAAD (H/F)</b>
Période du stage	<b>Stage conventionné de 4 à 6 mois, à temps plein A pourvoir dès le Janvier 2024</b>
Localisation	<b>Maisons-Alfort (94700)</b>

## L'AGENCE

L'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses) assure des missions de veille, d'expertise, de recherche et de référence sur un large champ couvrant la santé humaine, la santé et le bien-être animal, et la santé végétale. Elle offre une lecture transversale des questions sanitaires et appréhende ainsi, de manière globale, les expositions auxquelles l'Homme peut être soumis à travers ses modes de vie et de consommation ou les caractéristiques de son environnement, y compris professionnel.

L'Anses informe les autorités compétentes, répond à leurs demandes d'expertise. L'Agence exerce ses missions en étroite relation avec ses homologues européens.

### L'Anses en chiffres

- 1400 agents et 800 experts extérieurs
- Budget annuel : 141 millions d'euros
- Plus de 14 000 avis émis depuis

## DESCRIPTION DU STAGE

### Entité d'accueil

Le Service Partagé d'Appui à l'Analyse de Données (SPAAD) est un service de bio-informatique, partagé entre les laboratoires de Santé Animale (LSAn) et de Sécurité Alimentaire (LSAI). Le service a vocation à collaborer avec les différentes unités des 2 laboratoires de Santé Animale et de Sécurité Alimentaire sur les sujets scientifiques incluant des problématiques d'analyses de données. Les missions du SPAAD sont les suivantes :

- Développement d'outils et applications utiles à la communauté,
- Aide à la gestion des données scientifiques
- Support pour les questions de bioinformatique et de bioanalyse,
- Formation du personnel ANSES

L'équipe est actuellement composée de 3 agents, un apprenti et un doctorant.

### Objectif

Les deux laboratoires (LSAn et LSAI) sont porteurs de mandats de référence au niveau européen et français pour plusieurs agents pathogènes bactériens. Les épidémies causées par ces agents pathogènes sont actuellement investiguées grâce à des données de séquençage short read illumina, et via des analyses snp ou cgMLST, qui sont toutes basées sur le core génome, c'est-à-dire le génome commun à toutes les souches d'une espèce. Ces méthodes présentent un biais important puisqu'elles ne prennent pas en compte les événements de délétion ou d'insertion de gènes, ou encore les événements de réarrangements pouvant avoir eu lieu au cours de l'épidémie. C'est pourquoi, nous souhaitons mettre à disposition des équipes une méthode basée sur le pangenome, qui permettrait d'inclure l'ensemble de ces événements évolutifs.

L'objectif de ce stage sera de tester plusieurs outils déjà existants sur un agent pathogène, *Leptospira interrogans*, dont le nombre de génomes dans les bases de données publiques est important (1107 génomes dans BigSDB), et dont les métadonnées sont accessibles.

## PROFIL RECHERCHÉ

### Diplôme en cours

Master 2 en lien avec la Biologie moléculaire et/ou Microbiologie

## Compétences

- Connaissances en génomique bactérienne
- Goût pour les analyses bio-informatiques
- Qualités rédactionnelles (maîtrise de l'orthographe),
- Capacité de synthèse,
- Maitrise du Pack office,

## POUR POSTULER

**Date limite de réponse** : 19/11/2023

**Renseignements sur le stage** : Déborah MERDA, Chargée de projets

**Adresser les candidatures par courriel (lettre de motivation + cv) à** : [deborah.merda@anses.fr](mailto:deborah.merda@anses.fr)