

### **Internship offer in immunology/bioinformatics in LBAI (6 months)**

\*Identification of transcriptome changes within multiple immune cells transcriptomes in Sjögren disease through traditional, multi-omics and network analysis.\*

**Keywords:** Bioinformatics, Transcriptomics/RNA-seq, multi-omics integration, Multi-Omics Factor Analysis (MOFA) , Weighted correlation network analysis (WGCNA), Sjögren disease, autoimmunity.

#### **Context:**

This M2 internship is focused on conventional and novel bioinformatics methods in transcriptomics analysis. This internship's aim is to integrate of multiple -omics datasets to retrieve additional information and trends in the data. Multi-omics analyses are novel breakthroughs in the bioinformatics field and the future of biological data analysis, as they depict the changes in multiple biological layers simultaneously. The single and multi-omics approach will be applied to the Sjögren disease transcriptome datasets to define their changes compared to the healthy controls.

#### **Scientific problem:**

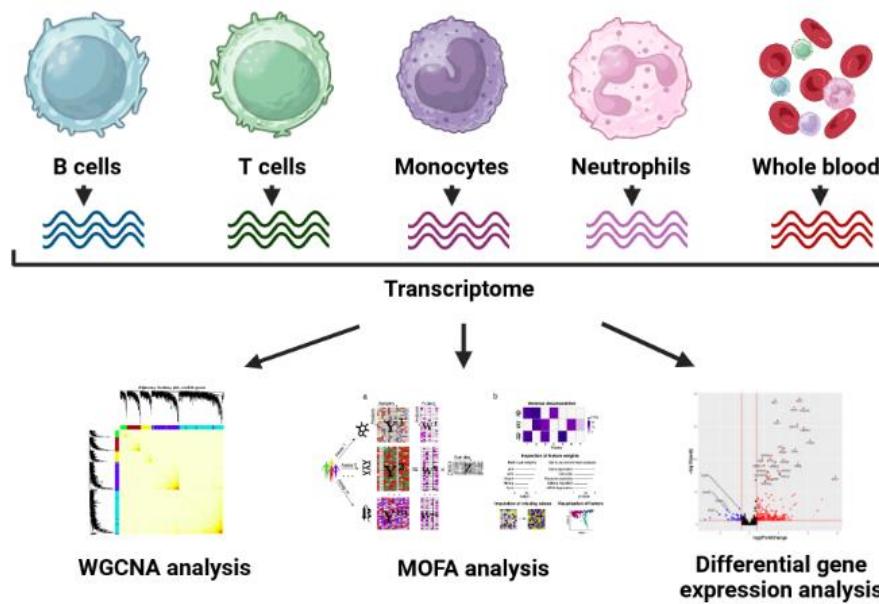
Sjögren disease is a chronic autoimmune disorder in which the immune system mistakenly attacks and damages the body's moisture-producing glands, leading to symptoms of dry eyes, dry mouth, and other mucous membranes. This condition can also cause joint pain and stiffness, fatigue, and, in some cases, organ damage. Furthermore, Sjögren disease patients have 5 times higher chance to develop non-Hodgkin lymphoma, which may cause death.

Despite being a relatively common condition, the exact biological cause of Sjögren disease is not yet fully understood. Researchers believe that a combination of genetic and environmental factors may play a role in its development, but the specifics are still being investigated. The definition of the biological causes of the disease is mandatory to identify targets for drugs and improve the living condition of the patients.

#### **Aims:**

It is fair to assume that different immune cells could drive different contributions to the arising, maintenance and relapse of the disease. From PRECISESADS, one of the biggest European projects in autoimmune diseases, we obtained transcriptomics data from B lymphocytes, T Lymphocytes, Monocytes, Neutrophils and whole blood. These data will be explored singularly with conventional differential gene expression analysis, comparing Sjögren disease and control conditions. The next

step will be to catch the common variability among all the transcriptomics data using MOFA to spot common biological pathways among the cell types. To conclude, the Integrated multi-cell type weighted gene co-expression network analysis (mWGCNA) will be used, aiming to analyze gene expression data across multiple cell types or tissue samples. The goal is to identify patterns of genes that are correlated across different cell types to identify the biological processes and pathways associated with Sjögren disease pathogenesis. A similar approach in systemic lupus erythematosus was carried out by Bharat Panwar et al article. doi:10.1101/gr.265249.120



Created in BioRender.com

## Work description:

- Quick literature review on immunology, Sjögren disease and the bioinformatics tools
- Development of scripts for differential gene expression analysis, MOFA and mWGCNA on R/Python.
- Interpretation of the results and hypothesis formulation
- Writing and publishing the results in national/international journals

## Qualifications:

- Good programming skills level in R or Python
- Knowledge of bash and Linux system usage
- Strong motivation in working in the Bioinformatic field



La science pour la santé  
From science to health

- M2 in biology/biotechnology/medical/bioinformatics masters
- Writing and speaking: English (B2 level)

#### Work conditions:

- The internship will occur within the UMR 1227 “Lymphocytes B, Autoimmunité et Immunothérapies” LBAI, Brest
- Duration 6 months (starting in January 2024)
- Compensation: basic compensation for internship in France

#### Contact:

Please send your application letter, CV, and any recommendation letters or transcripts of records if available (M1) to:

Christophe Jamin (PhD, HDR) and Cristian Iperi (*PhD student*)

[christophe.jamin@univ-brest.fr](mailto:christophe.jamin@univ-brest.fr) and [cristian.iperi@univ-brest.fr](mailto:cristian.iperi@univ-brest.fr)

<https://nouveau.univ-brest.fr/lbai/fr>

#### References

**Sjögren disease** <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fimmu.2023.1127417/full>  
<https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1127417>

**MOFA** <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-020-02015-1>  
<https://doi.org/10.1186/s13059-020-02015-1>

**mWGCNA** <https://genome.cshlp.org/content/31/4/659.full>  
<https://doi.org/10.1101/gr.265249.120>

## **Offre de stage en immunologie/bioinformatique au LBAI (6 mois)**

\*Identification des changements dans le transcriptome de multiples cellules immunitaires dans la maladie de Sjögren par une analyse traditionnelle, multi-omique et de réseau.\*

**Keywords:** Bioinformatique, transcriptomique/ARN-seq, intégration multi-omique, analyse factorielle multi-omique (MOFA), analyse de réseau de corrélation pondérée (WGCNA), maladie de Sjögren, auto-immunité.

### **Contexte:**

Ce stage de M2 est axé sur les méthodes bioinformatiques conventionnelles et nouvelles dans l'analyse transcriptomique. L'objectif de ce stage est d'intégrer de multiples ensembles de données - omiques afin de récupérer des informations supplémentaires et des tendances dans les données. Les analyses multi-omiques constituent de nouvelles percées dans le domaine de la bioinformatique et l'avenir de l'analyse des données biologiques, car elles décrivent les changements dans plusieurs couches biologiques simultanément. L'approche simple et multi-omique sera appliquée aux ensembles de données transcriptomiques de la maladie de Sjögren afin de définir leurs changements par rapport aux témoins sains.

### **Problématique scientifique :**

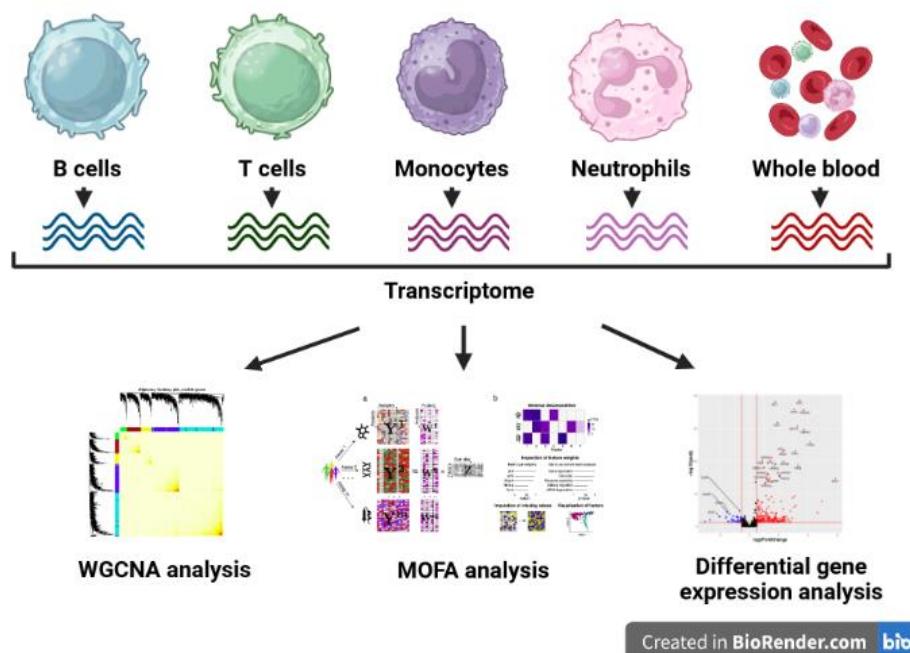
La maladie de Sjögren est une maladie auto-immune chronique dans laquelle le système immunitaire cible par erreur et endommage les glandes exocrines de l'organisme, entraînant des symptômes de sécheresse des yeux, de la bouche et d'autres muqueuses. Cette maladie peut également provoquer des douleurs et des raideurs articulaires, de la fatigue et, dans certains cas, des lésions organiques. En outre, les patients atteints de la maladie de Sjögren ont cinq fois plus de risques de développer un lymphome non hodgkinien, qui peut entraîner un décès.

Bien qu'il s'agisse d'une affection relativement courante, la cause biologique exacte de la maladie de Sjögren n'est pas encore totalement comprise. Les chercheurs pensent qu'une combinaison de facteurs génétiques et environnementaux peut jouer un rôle dans son développement, mais les détails sont encore à l'étude. La définition des causes biologiques de la maladie est indispensable pour identifier les cibles des médicaments et améliorer les conditions de vie des patients.

### **Objectifs :**

Il est juste de supposer que différentes cellules immunitaires pourraient contribuer différemment à l'apparition, au maintien et à la rechute de la maladie. Dans le cadre de PRECISESADS, l'un des plus grands projets européens sur les maladies auto-immunes, nous avons obtenu des données transcriptomiques sur les lymphocytes B, les lymphocytes T, les monocytes, les

neutrophiles et le sang total. Ces données seront explorées individuellement avec une analyse différentielle conventionnelle de l'expression génique, en comparant les conditions des patients et de témoins sains. L'étape suivante consistera à identifier la variabilité commune à toutes les données transcriptomiques à l'aide de MOFA afin de repérer les voies biologiques communes aux différents types de cellules. Pour conclure, l'analyse intégrée du réseau de coexpression génique pondérée par type de cellule (mWGCNA) sera utilisée, afin d'analyser les données d'expression génique de plusieurs types de cellules ou d'échantillons de tissus. L'objectif est d'identifier des modèles de gènes corrélés entre différents types de cellules afin d'identifier les processus biologiques et les voies associées à la pathogenèse de la maladie de Sjögren. Une approche similaire dans le lupus érythémateux systémique a été réalisée par Bharat Panwar et al. doi:10.1101/gr.265249.120



### Description du travail :

- Revue rapide de la littérature sur l'immunologie, la maladie de Sjögren et les outils bioinformatiques.
- Développement de scripts pour l'analyse de l'expression différentielle des gènes, MOFA et mWGCNA sur R/Python.
- Interprétation des résultats et formulation d'hypothèses.
- Rédaction et publication des résultats dans des revues nationales/internationales.

### Qualifications

- Bonne connaissance de la programmation en R ou Python

- Connaissance de bash et de l'utilisation du système Linux
- Forte motivation pour travailler dans le domaine de la bioinformatique
- M2 en master de biologie/biotechnologie/médical/bioinformatique
- Expression écrite et orale : Anglais (niveau B2)

## Conditions de travail

- Le stage se déroulera au sein de l'UMR 1227 " Lymphocytes B, Auto-immunité et Immunothérapies " LBAI, Brest.
- Durée 6 mois (à partir de janvier 2024)
- Rémunération : gratification de base pour un stage en France

## Contacts:

Veuillez envoyer votre lettre de candidature, votre CV, vos lettres de recommandation ou vos relevés de notes, le cas échéant (M1), à l'adresse suivante:

Christophe Jamin (PhD, HDR) et Cristian Iperi (*PhD student*)

[christophe.jamin@univ-brest.fr](mailto:christophe.jamin@univ-brest.fr) et [cristian.iperi@univ-brest.fr](mailto:cristian.iperi@univ-brest.fr)

<https://nouveau.univ-brest.fr/lbai/fr>

## Références

**Maladie de Sjögren** <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fimmu.2023.1127417/full>  
<https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1127417>

**MOFA** <https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13059-020-02015-1>  
<https://doi.org/10.1186/s13059-020-02015-1>

**mWGCNA** <https://genome.cshlp.org/content/31/4/659.full>  
<https://doi.org/10.1101/gr.265249.120>