

Plateforme de Biostatistique

La plateforme de Biostatistique de Toulouse est un carrefour de compétences autour de la statistique et l'analyse de données pour la biologie, et en particulier la biologie cellulaire. Les activités de la plateforme s'organisent principalement autour de :

- L'animation scientifique, avec en particulier l'organisation d'une journée scientifique régionale annuelle en partenariat avec la plateforme de bioinformatique de Toulouse. La prochaine édition aura lieu le jeudi 30 novembre 2023. Pour plus d'informations, voir le site web dédié <https://bioinfo-biostat.sciencesconf.org/>.
- L'appui aux projets de recherche en sciences du vivant au travers de collaborations. Cet appui peut se faire dans le cadre d'un projet (type ANR par exemple), de co-encadrement de thèses ou de stages.
- La formation : chaque année, la plateforme propose un large programme de formations de niveau débutant, intermédiaire ou avancé pour former les non-statisticiens à l'analyse de données. Ces formations sont régulièrement adaptées à l'évolution des besoins.

Le cycle de formation pour 2023 :

- Initiation à la programmation R : 6-7 mars 2023
- Initiation à la statistique (avec R ou Asterics) : 20-22 mars 2023
- Construire son application shiny : 19-21 avril 2023
- Initiation à la programmation R « tidy » : 15 mai 2023
- Graphiques avec R : ggplot2 : 9 juin 2023
- Intégration de données avec mixOmics et mixKernel : 19-20 juin 2023
- Modèle linéaire et modèle linéaire généralisé avec R : 10-11 juillet 2023
- Initiation au package R data.table : « high-performance data.frame » : 26 septembre 2023
- Machine et deep learning avec R (Keras) : 1.5 jours (Dates à venir)
- Initiation à la statistique avec ASTERICS : 2 jours (Dates à venir)

Responsables scientifiques :

Cathy Maugis-Rabusseau, Nathalie Vialaneix.

Responsables opérationnelles :

Cathy Maugis-Rabusseau, Nathalie Vialaneix.

Contact :

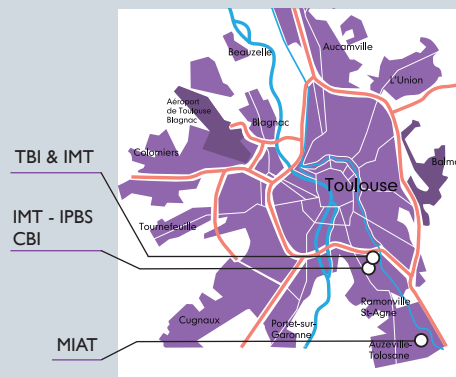
biostat-tlse-animateurs@groupes.renater.fr

Site web :

<https://perso.math.univ-toulouse.fr/biostat/>



Localisation des équipements



Le fait marquant scientifique :

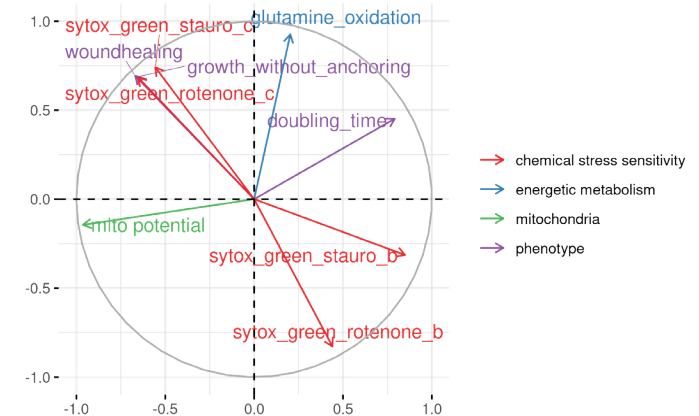
L'intégration de données pour le cancer du colon

Dans le cadre du projet METAhCOL (soutenu par l'Institut Thématique Multi-Organismes AVIESAN), la plateforme biostatistique de Toulouse a participé à l'intégration de données multiples permettant l'étude d'un modèle innovant de carcinogénèse du colon. Ce modèle est basé sur six lignées cellulaires isogéniques du colon humain comportant des mutations de gènes importants impliqués dans la carcinogénèse et permettra des études contrôlées des interactions gènes-environnement dans la progression des cancers.

L'étude a permis une caractérisation phénotypique et métabolique fine de ces lignées cellulaires qui a mis en valeur des sensibilités différentes aux stress mitotoxique et génotoxique.

Elle a été réalisée à base d'analyse intégrative de type MFA (Multiple Factor Analysis) qui sont maintenant disponibles pour tous sur l'outil en ligne ASTERICS développé par les plateformes de Bioinformatique et Biostatistique de Toulouse (<https://asterics.miat.inrae.fr/>).

Ce travail se poursuivra par l'étude, sur ce modèle, de l'impact des polluants alimentaires et des effets de certaines mutations génétiques (en particulier si celles-ci peuvent être associées à une susceptibilité accrue à certains polluants).



MFA pour l'intégration de données multiples collectées sur 6 lignées cellulaires humaines. Les variables de mêmes couleurs correspondent à des mesures variées d'une même caractéristique phénotypique ou métabolique. L'interprétation se fait de manière similaire à l'ACP mais l'analyse donne une importance équilibrée à chacun des groupes.

PUBLICATION

Tête, A. and Arnaud, L.C. and Le Mentec, H. and Gallais, I. and Poupin, N. and Tournadre, N. and Duarte-Hospital, C. and Lippi, Y. and Mathevet, F. and Lefort, G. and Burel, A. and Surya, R. and Boutet-Robinet, E. and Shay, W.J. and Vialaneix, N. and Bortoli, S. and Lagadic-Gossmann, D. and Huc, L. (2022) Characterization of human isogenic epithelial cell lines as a relevant tool to study colon carcinogenesis and interaction between genes and environment. Proceedings of Society of Toxicology Annual Meeting (SOT 2022), vol. 3579, P204 (Poster). San Diego, TX, USA.