27th of October 2019

**PROPOSITION DE STAGE DE M2 « Biologie Santé » pour l’année 2019-2020**

**Laboratoire** :CIML UMR U1104

**Equipe d’accueil** : Dendritic Cell Biology

**Personne contact :** Rafael Argüello ([arguello@ciml.univ-mrs.fr](mailto:arguello@ciml.univ-mrs.fr))

**Titre du projet proposé**: Epic-ZeNITH : une approche intégrative pour identifier les régulateurs du métabolisme et de l'épigénétique dans le contexte des cellules myéloïdes associées au glioblastome

**Collaborateurs** : Dr. Emeline Tabouret et Pr. Dominique Figarella (INP UMR7051)

**Projet de stage**: Lors d’une réponse immunitaire ou un cancer, une reprogrammation du métabolisme s’opère dans les cellules. Cette reprogrammation influence une modification épigénétique ce qui amène à terme à un changement radical de l’identité de la cellule. En raison des limitations techniques, les mécanismes impliqués restent inconnus. Actuellement, il n'existe aucune méthode permettant d'étudier simultanément le métabolisme et l'épigénétique de cellules de patients. Nous avons développé et breveté un méthode « ZeNITH », qui permet de contourner les limitations techniques préexistantes. Grâce à notre collaboration avec des neuro-oncologues, nous allons pouvoir étudier 8 patients atteints de tumeurs cérébrales primitive. (Glioblastome, tumeur hétérogène et incurable). Dans ce projet les trois zones différentes du Glioblastome seront étudiées : la partie centrale nécrotique, la partie « charnue » dite angiogénique, et la partie infiltrative périphérique.

**Les objectifs du stage de Master II sont** :

Ce projet intégré vise à identifier les régulateurs du métabolisme des cellules myéloïdes représentant de potentielles cibles thérapeutiques pour les patients touchés par un glioblastome.

1) créer une carte métabolomique complète des trois zones (nécrose, angiogénique, infiltrative) de glioblastome (GBM) en utilisant l´IRM et une méthode déjà brevetée par le laboratoire d’accueil appelée "ZeNITH"; basée en cytométrie de Flux (3 panel, 54 couleurs).

2) identifier les modifications épigénétique et le métabolisme des cellules selon les zones de la tumeur.