**Caractérisation par séquençage Nanopore des bases génétiques associées au contrôle du VIH**

Le séquençage à haut débit a révolutionné la médecine personnalisée en définissant la base génétique des maladies. Néanmoins, ces approches ne sont pas toujours adaptées au séquençage de régions complexes des génomes contenant des familles multigéniques alors qu'elles jouent un rôle majeur dans le développement des maladies. La région du Leukocyte Receptor Complex (LRC, 19q13.4) contient plusieurs familles multigéniques de l’immunité affectant la progression des maladies infectieuses et des cancers. A cet égard, certains gènes de la famille des LILRs présentent un profil d’expression particulier chez les patients qui contrôlent naturellement l’infection par le VIH. Ces données indiquent un rôle important des LILRs dans le contrôle du VIH.

Ce stage visera à caractériser les variations génétiques (cnv, snp) de la famille des gènes LILRs associées au contrôle du virus. Pour cela, les ADN de patients contrôlant, ou non, le virus seront séquencés par une approche long reads « d’adaptive sampling » d’Oxford Nanopore Technologies® (ONT®) qui permet de cibler la région à séquencer. L’objectif de l’analyse bio-informatique sera tout d’abord de caractériser les haplotypes du LRC des patients à l’aide des outils bio-informatiques actuels (assemblage, polishing, haplotypage …) adaptés aux données long reads. Il faudra ensuite comparer les haplotypes des individus afin de définir les bases génétiques du contrôle du virus chez les patients.