

## **Proposition de stage à l'interface mathématiques/biologie**

Titre : **Modélisation multi-échelle de la latence du virus de l'immunodéficience humaine**

**Durée** : stage de 6 mois (début mars 2017) ou plus court (début avant mai 2017)

**Public** : étudiants en master M1 ou M2 ou élèves ingénieurs ; les bons étudiants en L3 sont également considérés

**Rémunération** : gratification 560 € /mois

**Encadrants** : O.Radulescu laboratoire DIMNP à Montpellier (modélisation mathématique), E.Bertrand laboratoire IGMM à Montpellier (biologie, biophysique).

**Contact** : [ovidiu.radulescu@umontpellier.fr](mailto:ovidiu.radulescu@umontpellier.fr)

**Motivation** : La latence du virus VIH est responsable de la reprise du syndrome d'immunodéficience acquise après l'arrêt des thérapies antirétrovirales. En partant de l'hypothèse qu'à l'origine de la latence est la stochasticité de la transcription du génome viral, nous proposons une approche interdisciplinaire, mathématique et biologique, pour étudier ce phénomène. Nos modèles intégreront plusieurs échelles : l'hétérogénéité de l'expression au niveau de la cellule unique, les interactions des cellules avec l'environnement immunitaire et la variabilité de l'évolution de la charge virale dans les patients.

**Objectifs** : Développer des modèles mathématiques au niveau moléculaire/intracellulaire et à plusieurs échelles temporelles, compatibles avec les données sur la dynamique stochastique de la transcription des gènes VIH en cellule unique. Intégrer les événements stochastiques au niveau intra-cellulaire et les interactions entre cellules dans un modèle multi-échelle de dynamique de la population de cellules et de la charge virale.

Ce stage fait partie du projet MIGHTY « Modélisation multi-échelle de la latence du virus de l'immunodéficience humaine » soutenu par le programme PEPS Modélisation des Processus Infectieux de la Mission pour l'Interdisciplinarité du CNRS.

**Compétences requises** : excellent niveau en modélisation mathématique (processus stochastiques et équations différentielles) et programmation (Matlab et/ou R et/ou Python – les programmes existants sont en MATLAB et R); les connaissances en biologie seront appréciées.

## **Interdisciplinary internship; mathematics and HIV biology**

Title: **Multiscale modeling of HIV latency**

**Length**: 6 months (starting March 2017) or less (starting before May 2017)

**Who can apply**: 1<sup>st</sup> and 2<sup>nd</sup> year master students; engineering students; outstanding undergraduate students.

**Salary**: 560 € monthly.

**Instructors**: Ovidiu Radulescu lab DIMNP in Montpellier (mathematical modeling), Edouard Bertrand lab IGMM in Montpellier (biology, biophysics).

**Contact**: [ovidiu.radulescu@umontpellier.fr](mailto:ovidiu.radulescu@umontpellier.fr)

**Motivation**: HIV latency is responsible of the relapse of acquired immune deficiency syndrome after stopping antiretroviral therapy. Using the stochastic transcription of the viral genome as a starting hypothesis to explain latency, we propose an interdisciplinary approach, mathematical and biological, to study this phenomenon. Our mathematical models integrate several scales: heterogeneity of gene expression at the single cell level, the interaction of cells with the immune system environment, and the variability of the viral load evolution in cohorts.

**Objectives:** Develop mathematical models of gene expression at the molecular and intracellular level and on several time scales, compatible with data on stochastic expression of HIV genes in single cells and real time. Integrate stochastic events at intracellular level and cell-cell interactions in a multiscale model of viral load dynamics.

This internship is part of the project MIGHTY « Multiscale modeling of HIV latency» supported by the CNRS PEPS program Modeling of Infectious Processes.

**Required skills and knowledge:** excellent level in mathematical modeling (stochastic processes and differential equations) and programming (Matlab and/or R and/or Python – currently existing software was developed in Matlab and R); knowledge in biology will be highly appreciated.