

## **Modélisation de l'infection à la Salmonelle et inférence de paramètres.**

**Encadrement** : Béatrice Laroche ([beatrice.laroche@inrae.fr](mailto:beatrice.laroche@inrae.fr)), Lorenzo Sala ([lorenzo.sala@inrae.fr](mailto:lorenzo.sala@inrae.fr)), Maud Delattre ([maud.delattre@inrae.fr](mailto:maud.delattre@inrae.fr)) (INRAE Jouy-en-Josas, Unité MaIAGE)

### **Contexte et Objectif**

L'infection à salmonelle est la cause la plus courante d'intoxication alimentaire collective dans les pays développés. On trouve la salmonelle sous la forme de différentes souches bactériennes qui colonisent et infectent le tube digestif des animaux d'élevage ou des humains. Chez l'homme, ces pathogènes provoquent des troubles allant d'intoxications alimentaires à la fièvre typhoïde. Il a été démontré que la capacité à excréter le pathogène dans l'environnement (eau, nourriture, excréments), et donc à contaminer d'autres individus, varie d'un individu à un autre, que ce soit chez l'animal ou chez l'humain. Certains individus, appelés super-excréteurs, sont des vecteurs permanents du pathogène sans présenter de symptômes et sont responsables de la plus grande partie de la propagation. Ce phénotype de super-excréteur, encore mal défini, résulte probablement d'interactions entre la réponse immunitaire de l'hôte, son microbiote intestinal et le pathogène.

Dans ce contexte, l'objectif du stage est de (i) formuler des modèles simples (EDO ou EDS) de la dynamique du pathogène et de la réponse inflammatoire de l'hôte (ii) de formuler un modèle statistique adapté (de type modèle de mélange) pour estimer les paramètres de ce modèle à partir de données expérimentales en prenant en compte le fait que les données proviennent d'individus hétérogènes (super-excréteurs /normaux/bas) (iii) d'étudier une influence du microbiote. Le travail pourra bénéficier de modèles et outils pour l'estimation développés au sein du laboratoire.

**Déroulement du stage** : Le stage se déroulera dans l'unité MaIAGE du centre INRAE de Jouy-en-Josas; la durée prévue est de 4 à 6 mois, avec gratification.

**Profil** : M2 ou équivalent, formation en mathématiques appliquées, sciences des données ou biomathématiques intéressé(e) par les applications en biologie, avec de fortes compétences en modélisation, systèmes dynamiques EDO (ou EDS), statistiques.

**Langage** : R et python.