

[Ingénieur d'études en bioinformatique]

Profil de poste

Emploi-type	A2A41 - Ingénieur-e en bioinformatique
BAP	BAP A : Sciences du vivant, de la terre et de l'environnement
Missions	Dans le cadre du projet ANR MADBIO dont l'objectif est d'identifier des biomarqueurs prédictifs du devenir de l'infection palustre et de caractériser les mécanismes d'interaction hôte-pathogène, l'ingénieur-e d'étude aura pour mission principale de prendre en charge l'analyse bioinformatique des données de séquençage d'ARN sur cellule unique (single-cell RNAseq, 10X Genomics) de l'hôte humain. Il/elle devra répondre à différentes questions scientifiques qui nécessiteront l'intégration de plusieurs échantillons d'un même individu à plusieurs temps ou d'individus non apparentés ayant différents phénotypes.
Activités principales	<ul style="list-style-type: none">• Définir en interaction avec les biologistes, le plan d'étude le mieux adapté à la question scientifique posée• Identifier les outils adaptés à l'analyse et l'intégration des données• Mettre en œuvre des pipelines d'analyse• Interpréter et discuter des résultats avec les membres de l'équipe• Rédiger des rapports/bilan et effectuer des présentations lors des réunions d'équipe• Travailler de manière autonome et organisée• Faire preuve de rigueur scientifique• Faire de la veille scientifique et technologique
Activités associées	<ul style="list-style-type: none">• Participer à la réflexion du projet dans sa globalité.
Connaissances	<ul style="list-style-type: none">• Connaissances générales dans le domaine des sciences de la vie et dans le domaine de la génomique fonctionnelle• Connaissances générales des approches de séquençage sur cellules et noyaux uniques avec la technologie 10X (indispensable)• Connaissance pratique en programmation (langage R et/ou python)) (indispensable)• Compréhension des outils d'analyse courants des données de single-cell pour la transcriptomique• Intérêt pour les outils de visualisation interactive (Ex : Shiny)• Connaître la déontologie et la réglementation sur la confidentialité, la sécurité informatique, sauvegarde et protection des données• Connaissance dans l'utilisation de cluster de calcul
Savoir-faire	<ul style="list-style-type: none">• Expérience dans l'analyse bioinformatique de données scRNA-seq• Utilisation de pipelines d'analyses (EX : NextFlow, Snakemake)• Bon niveau d'anglais (B2 ou C1)
Aptitudes	<ul style="list-style-type: none">• Organisé et rigoureux• Autonome, dynamique• Disposer d'excellentes qualités relationnelles• Capacité à travailler en équipe• Capacité à assimiler la littérature scientifique (en anglais) liée à la thématique de recherche et aux méthodes appliquées

Expérience souhaitée

- Capacité à rédiger et communiquer les résultats des analyses produites
- Une expérience dans l'analyse des données scRNA-seq

Diplôme(s) souhaité(s)

- Master en bioinformatique

Structure d'accueil**Code unité**

U1090

Intitulé

TAGC (Theories and Approaches of Genomic Complexity) U1090

ResponsableChristophe Chevillard (U1090) (Directeur du laboratoire)
Sandrine Marquet (responsable du projet scientifique)**Composition**

Chercheurs, techniciens, ingénieurs (IE et IR) et étudiants (Master et doctorat)

Adresse

163 avenue de Luminy, 13009, Marseille

Délégation Régionale

PACA

Contrat**Type**

CDD

Durée

18 mois

Rémunération

Selon la qualification et l'expérience du candidat (grilles de salaire Inserm)

Date souhaitée de prise de fonctions

01/03/2025

Pour postuler

Adresser votre CV et une lettre de motivation à l'adresse suivante : sandrine.marquet@univ-amu.fr