

Ingénieur-e biologiste en analyse de données



Dès que possible



Lyon



Télétravail partiel



Bac +5

L'Inserm est le seul organisme public français entièrement dédié à la recherche biologique, médicale et en santé des populations. Il dispose de laboratoires de recherche sur l'ensemble du territoire, regroupés en 12 Délégations Régionales. Notre institut réunit 15 000 chercheurs, ingénieurs, techniciens et personnels administratifs, avec un objectif commun : améliorer la santé de tous par le progrès des connaissances sur le vivant et sur les maladies, l'innovation dans les traitements et la recherche en santé publique.

Rejoindre l'Inserm, c'est intégrer un institut engagé pour la parité et l'égalité professionnelle, la diversité et l'accompagnement de ses agents en situation de handicap, dès le recrutement et tout au long de la carrière. Afin de préserver le bien-être au travail, l'Inserm mène une politique active en matière de conditions de travail, reposant notamment sur un juste équilibre entre vie personnelle et vie professionnelle.

L'Inserm a reçu en 2016 le label européen HR Excellence in Research et s'est engagé à faire évoluer ses pratiques de recrutement et d'évaluation des chercheurs.

Emploi

Poste ouvert aux candidats

- Agents fonctionnaires de l'Inserm par voie de mobilité interne
- Agents fonctionnaires non Inserm par voie de détachement
- CDD agents contractuels

Catégorie	A
Corps	IR – Ingénieur de recherche
Emploi-Type	Ingénieur-e biologiste en analyse de données
RIFSEEP (régime indemnitaire fonctionnaire)	Fonction : Ingénieur en analyse de données Groupe : 2 Domaine :

Structure d'accueil

Département/ Unité/ Institut

Laboratoire de Biologie et Modélisation de la Cellule - U1293/UMR 5239

A propos de la Structure

Le Laboratoire de Biologie et Modélisation de la Cellule (U1293/UMR 5239) comprend 100 personnes et est structuré en 17 équipes de recherche. Il est situé sur le site Monod de l'Ecole Normale Supérieure de Lyon. La stratégie globale du laboratoire consiste en l'étude quantitative des processus biologiques par des approches interdisciplinaires combinant biologie expérimentale et modélisation mathématiques et physique. Une grande majorité des équipes du LBMC mobilise des approches basées sur du séquençage à haut-débit (ChIP-Seq, RNA-Seq, Hi-C, ...). C'est dans ce contexte que le LBMC a créé un « Biocomputing hub » fédérant les activités computationnelles développées au sein du LBMC et à laquelle sera intégré l'agent qui sera recruté afin de participer aux projets de différentes équipes et d'assurer la transmission et l'appropriation de nouvelles compétences au sein des équipes.

Directeur	Didier AUBOEUF
Adresse	46 Allée d'Italie 69364 Lyon
Délégation Régionale	Auvergne-Rhône-Alpes

Description du poste

Mission principale

La personne recrutée rejoindra le « Hub BIO-COMPUTING », structure transversale du laboratoire, sous la responsabilité du Directeur du LBMC, D. Auboeuf en liaison avec les responsables scientifiques (D. Jost, F. Mortreux) et opérationnels (L. Modolo) de cette structure. La mission principale de l'agent sera de participer au développement de méthodologies adaptées à la recherche du LBMC, en particulier en lien avec le traitement et l'analyse de données omiques et/ou la modélisation et l'IA, sur des thématiques portées par les équipes du laboratoire incluant l'organisation 3D du génome, l'épigénétique et le métabolisme des ARNs. L'ingénieur-e accompagnera les chercheurs tout au long du processus de production de données (traitement et analyse, modélisation, stockage et data management) ainsi que les personnels du LBMC afin qu'ils puissent améliorer leurs bonnes pratiques liées au bio-computing .

Activités principales

- En fonction du profil du candidat en « traitement et analyse de données omiques » et/ou « modélisation et IA », les activités principales seront :
 - Développer des outils et mettre en place des procédures standardisées de traitement des données de transcriptomique, génomique et épigénomique depuis leur production sur les séquenceurs haut débit (ex : RNA-seq, Mnase-seq, ChIP-seq, ATAC-seq, Hi-C) jusqu'à leur dépôt sur les entrepôts de données (ex : NCBI/EBI) en passant par le prétraitement bio-informatique, l'analyse et la modélisation biostatistique des données.
 - Réaliser des développements méthodologiques et traitement de données biologiques (ex : omiques, imagerie, single-cell) pour la modélisation mathématique, physique ou statistique (AI) et la simulation numérique des systèmes biologiques.
- Assurer le déroulement de la chaîne de traitement et/ou modélisation des données sur les infrastructures de calculs régionales (Mésocentre CBPsmn).
- Améliorer les méthodologies de développement logiciels des différentes équipes du laboratoire : conteneurisation (ex : packaging de codes R, conda), organisation de travail (ex : Agile, DevOps, GitHub Actions), qualité de code (ex : sonarqube, codecov), intégration continue.
- Participer à la formation interne des membres du laboratoire à ces nouvelles méthodologies.
- Former les chercheurs aux procédures existantes et assurer le support technique et la formation aux outils développés.
- Participer à l'activité du réseau bio-informatique au niveau local et national en mettant à disposition les outils et interfaces générées et en participant à des formations.
- Accompagner les équipes de recherche : conseils méthodologiques, assistance, formation, aide à la rédaction d'articles ou de demandes de financement.
- Participer à des co-encadrements d'étudiants sur des projets de recherche en collaboration avec des bio-informaticiens ou avec des biologistes.
- Faire de la veille technologique sur le développement méthodologique en lien avec les recherches du LBMC et l'entretien de workflows.
- Assurer le respect des normes qualité et des réglementations en vigueur pour garantir la reproductibilité des analyses effectuées (ex : Git, Notebook RMarkdown, Quarto).

Spécificité(s) et environnement du poste

- Le candidat rejoindra le hub Biocomputing du LBMC, qui est en charge d'animer et de promouvoir la biologie computationnelle au sein du laboratoire.

Connaissances

- En fonction du profil du candidat en « traitement et analyse de données omiques » et/ou « modélisation et IA », les connaissances requises sont :

- Maîtrise de logiciels requis pour l'analyse de données en (épi)génomique (ex : DESeq2, TopHat, STAR, samtools, bedtools, danpos, Seurat, etc.).
- Connaissances en machine-learning, IA/calcul sur GPU (cuda, PyTorch, Keras) ou simulations numériques, ainsi qu'en bio-statistique avec maîtrise de concepts utilisés communément dans le milieu de la biologie (modèles linéaires, GLMs, modèles mixtes).
- Utilisation de plusieurs langages de programmation (ex : Python, R, Bash), une connaissance de langages compilés serait un plus, et des systèmes Unix/Linux.
- Connaissance d'outils pour la gestion de codes (git), l'amélioration de la qualité des codes (intégration continue) et la reproductibilité de ses projets (ex : conteneurisation par docker, singularity, etc.).
- Connaissances générales en biologie cellulaire et moléculaire.

Savoir-faire

- Expertise portant sur les entrepôts de données, le stockage (court, moyen et long terme) et le dépôt de données.
- Utilisation d'infrastructures et de clusters de calculs pour l'analyse des données et l'exploration numérique des modèles.
- Développement de pipelines bioinformatiques pour le pré-traitement, l'analyse et la modélisation de données biologiques.
- Mise en place de bonnes pratiques sur l'utilisation des données (approche FAIR : Findable, Accessible, Interoperable, Reusable).

Aptitudes

- Maîtriser l'anglais scientifique à l'oral et à l'écrit. Les candidats seront capables, en anglais, de s'exprimer, de suivre une présentation scientifique ou une réunion de laboratoire, de lire des publications et d'aider à la rédaction de travaux de recherche.
- Encadrer du personnel de recherche et le former de manière pédagogique.
- Travailler en équipe et être force de proposition.
- Dialoguer avec les différentes équipes de recherche sur leurs besoins.
- Gérer de manière autonome les aspects biocomputing de projets de recherche.

Expérience(s) souhaitée(s)

- Expérience professionnelle réussie en recherche et support à la recherche en biocomputing.

Niveau de diplôme et formation(s)

- Master ou Doctorat en bioinformatique, biostatistique, modélisation ou biologie computationnelle.

Informations Générales

Date de prise de fonction

Temps de travail

- Temps plein
- Nombre d'heures hebdomadaires : 38h30
- Congés Annuels et RTT : 44 jours

Activités télétravaillables

OUI * NON

* Jusqu'à 2 jours par semaine

Rémunération

- **Fonctionnaires** : selon les conditions statutaires (grille indiciaire et IFSE correspondant à l'emploi)

Modalités de candidature

Date limite de candidature

Contact

Daniel Jost (daniel.jost@ens-lyon.fr)

**Fonctionnaires
Inserm**

- Vous devez constituer un dossier en ligne via l'application Gaia de l'Inserm accessible à l'adresse <https://www.gaia2.inserm.fr/login>
- La connexion à Gaia se fait avec les identifiants de votre compte prenom.nom@inserm.fr

Pour en savoir +

- Sur l'Inserm : <https://www.inserm.fr/> ; site RH : <https://rh.inserm.fr/Pages/default.aspx>
- Sur la politique handicap de l'Inserm et sur la mise en place d'aménagements de poste de travail, contactez la Mission Handicap : emploi.handicap@inserm.fr