



LE LABEX IGO

Recrute un/une

Ingénieur.e en bioinformatique

MISSIONS

L'ingénieur.e en bioinformatique aura la charge d'organiser, automatiser et exécuter des pipelines d'analyses primaires de données transcriptomiques (bulk et single cell) dans le cadre du programme LabEx IGO (laboratoire d'excellence Immunotherapy Graft Oncology) (<http://www.labexigo.univ-nantes.fr/>).

Il.Elle s'assurera de la maintenance et de la mise à jour des algorithmes et des scripts. Il.Elle travaillera en étroite collaboration avec les équipes de recherche du LabEx IGO pour ajuster et affiner les analyses aux besoins des différents projets. Il.Elle contribuera aussi à guider des étudiants dans les analyses bioinformatiques secondaires à l'aide d'un portfolio de méthodes d'analyses en cours de développement au sein du CRTI. Enfin, il.elle contribuera à la croissance et la diffusion du portfolio au cours de son contrat.

Une évolution du poste vers des projets de développement bioinformatique (benchmarking, analyses secondaires, autres données à grande échelle) et/ou vers des responsabilités d'encadrement sera envisagée en fonction de l'autonomie du.de la candidat.e.

ENVIRONNEMENT ET CONTEXTE DE TRAVAIL

Le LabEx IGO a été labellisé en 2012 dans le cadre des Programmes d'Investissements d'Avenir (PIA) et bénéficie d'un financement de l'ANR jusqu'en 2024. Le LabEx IGO a pour objectif de favoriser les projets transdisciplinaires entre des équipes aux expertises complémentaires en transplantation et immunologie tumorale, auto-immunité, inflammation et radio-immunothérapie, ceci afin de développer de nouvelles immunothérapies. Le LabEx IGO rassemble environ 400 personnes (scientifiques, étudiants, personnels techniques) issues de 15 équipes de recherche réparties dans 4 unités de recherche académique (CRCINA-UMR1232, CRTI-UMR1064, MICMAC-UMR1236, LBAI-UMR1227) du Grand Ouest français (Nantes, Angers, Rennes, Brest).

Ce poste répond à la demande croissante d'analyse de données à grande échelle des équipes de recherche du LabEx IGO et une nécessité de structurer les premières étapes d'analyse de ces données. L'ingénieur.e en bioinformatique sera intégré.e à la plateforme single-cell genomics du CRTI UMR 1064 (<http://crti.univ-nantes.fr/>) à Nantes et sera accompagné.e par le personnel déjà en charge des analyses.

[CONTRAINTES PARTICULIÈRES]

Travail sur ordinateur

ACTIVITES PRINCIPALES

- Mettre en place des pipelines d'analyses primaires de données transcriptomiques à partir des outils de l'état de l'art ;
- Réaliser les analyses primaires issue des projets produits par la plateforme single-cell genomics au CRTI en étroite collaboration avec les meneurs de projets ;
- Assurer une veille technologique des outils d'analyses ;
- Stocker, actualiser et maintenir les scripts/données/résultats.

PROFIL RECHERCHÉ

- **Type de recrutement** : catégorie A, contractuel de l'Université de Nantes, 1 an renouvelable
- **Rémunération** : selon la charte de gestion des contractuels de l'Université de Nantes pour les non titulaires.
- **Formation** : BAC+5 minimum en bioinformatique.

- **Expériences antérieures bienvenues pour occuper le poste :** Une expérience dans la gestion et l'organisation de données à grande échelle est désirée, avec des compétences dans le développement, l'optimisation et le *versioning* de pipelines d'analyse, via l'utilisation d'outils tels que GitHub/GitLab, Snakemake, Docker et Conda. Une expérience préalable en analyses de données NGS, en particulier RNAseq (bulk ou single cell) serait un avantage considérable.

[COMPETENCES ET CONNAISSANCES REQUISES]

Savoirs généraux, théoriques ou disciplinaires :

- Expertise dans l'établissement, la gestion et le maintien de pipelines bioinformatiques d'analyses de données à grande échelle
- Expérience pour les analyses primaires de données à grande échelle, en particulier des données NGS (QC, alignement, normalisation, etc.)
- Connaître les bases théoriques et pratiques de l'analyse secondaire de données d'expression (e.g. gènes différentiels, *gene ontology* et analyse de *pathways*, identification de types cellulaires)
- Capacité de représentation graphique des résultats
- Anglais technique du domaine et conversationnel souhaité

Savoir-faire opérationnels :

- Expertise informatique de gestion, versioning et maintien des données et des pipelines, utilisation de serveurs de calcul distants (maîtrise d'outils tels que Snakemake, docker, Conda, GitHub/GitLab, langages R et Python)
- Interagir avec des biologistes et des (bio)informaticiens
- Garantir la qualité et la pertinence des outils d'analyse et des résultats
- Transmettre des connaissances et encadrement d'étudiants

Savoir-être :

- Capacité à travailler en équipe et sur plusieurs projets
- Capacités d'adaptation et d'initiative
- Rigueur et autonomie

. Date limite de réception des candidatures : 7 Septembre 2020

. Date de prise de fonction souhaitée : Septembre/Octobre 2020

. Contact : merci d'adresser votre candidature (CV + lettre de motivation) par mail à single-cell@univ-nantes.fr