

Ingénieur.e en analyse de données de séquençage à haut débit - Bio-informaticien.ne

Durée du contrat: CDD 24 mois (renouvelable une fois)

Date de début: 01/10/2021

Rémunération : selon la grille d'Aix Marseille Université

Ville: Marseille

Laboratoire: U1251/Marseille Medical Genetics (MMG)

Adresse:

Faculté des Sciences Médicales et Paramédicales,
27 Bd Jean Moulin
13005 Marseille

Nom et prénom du contact:

David Salgado, Valérie Delague

Courriel du contact:

david.salgado@univ-amu.fr

valerie.delague@univ-amu.fr

Date de validité: 01/10/2021

Description du laboratoire

L'unité de recherche U1251/Marseille Medical Genetics (MMG) unité de recherche mixte Inserm et Aix Marseille Université, située à la faculté de Médecine de la Timone a pour ambition de décrypter les mécanismes impliqués dans les maladies génétiques rares, d'ouvrir de nouvelles voies diagnostiques et thérapeutiques et d'améliorer la qualité de vie des patients affectés par ces maladies rares.

De la génétique des maladies rares à la biologie du développement, de l'épigénétique à la dynamique du génome, de la bioinformatique à la biologie systémique, le laboratoire U1251/MMG explore toutes les facettes de la discipline à travers une approche translationnelle centrée sur le patient. Les équipes s'intéressent particulièrement à quatre grandes familles de pathologies :

- Maladies du système nerveux central et des tissus neuroendocriniens
- Maladies neuromusculaires
- Pathologies cardiaques
- Vieillesse accélérée et laminopathies

U1251/MMG regroupe 150 chercheurs, cliniciens, ingénieurs, post-docs et étudiants qui ont pour objectif d'améliorer notre connaissance de ces maladies en combinant

l'exploration des cohortes de patients et des modèles physiopathologiques à l'aide de technologies de pointe au sein de cinq plateformes.

Contexte

La plateforme Génomique et Bioinformatique Marseille (GBiM) est une plate-forme de service, qui réalise des prestations de séquençage génomique, transcriptomique et épigénétique à la fois pour les équipes de recherche de l'unité et pour des partenaires extérieurs. L'objectif est de soutenir et de dynamiser les projets de génomique développés par les partenaires, en apportant un soutien scientifique et technologique tant au niveau de la conception expérimentale que des étapes d'analyse/interprétation. La plate-forme propose également le développement d'approches de séquençage innovantes.

Cette plateforme est placée sous la direction scientifique de Valérie Delague, directrice de la recherche Inserm (DR2), et David Salgado, Ingénieur de recherche Inserm.

Les services proposés par la plateforme incluent le séquençage à haut débit, et les services de bioinformatique associés. De manière non-exhaustive, les services proposés en NGS sont :

- génomique : séquençage exome entier, exome ciblé, séquençage des amplicons, et toute technologie DNA-Seq qui pourrait être développée. Le séquençage long-read, de type Oxford Nanopore est en cours de développement, en supplément du short read utilisé en routine.
- transcriptomique: RNA-Seq (Bulk et single cell, mRNA, total ou ciblé) pour différentes espèces
- épigénomique: ChIP-Seq, séquençage bisulfite
- bioinformatique: l'analyse comprend systématiquement le traitement des données primaires, et, selon les projets, des analyses supplémentaires, comme la recherche de variants, de CNV ou l'identification des gènes/transcrits différentiellement exprimés.

Description du poste:

Missions

L'ingénieur.e recruté.e rejoindra la plateforme Génomique et Bioinformatique Marseille (GBiM) du laboratoire. Au sein de l'équipe, l'ingénieur(e) en bioinformatique réalisera le recueil des données, les analyses et traitements adaptés, et leur mise à disposition auprès des différentes équipes/partenaires.

Plus précisément, il s'agira de :

- Interagir avec les différents partenaires impliqués dans l'étude des maladies génétiques humaines.
- Analyser les données de NGS produites par la plateforme de génomique et transcriptomique.
- Mettre en forme et présenter les résultats auprès de chaque investigateur en interne, et en externe dans le cadre de collaborations.
- Discuter les résultats avec les équipes.
- Effectuer une veille technologique dans le domaine du NGS.
- Organiser le stockage pérenne des données.

Compétences

- Connaissances théoriques et pratiques avérées en bioinformatique.
- Connaissances théoriques en biologie moléculaire et génomique.
- Maîtrise de l'environnement Unix et de la programmation.
- Mise en œuvre des pipelines d'analyse de données.
- Connaissances des outils de traitement des données de séquençage à haut débit. (BWA, GATK, Samtools, ...)
- Maîtrise d'au moins un langage de script (awk, perl, python, ...)
- Maîtrise du langage R.
- Capacité à communiquer des résultats clairs et concis à divers publics, à l'oral comme à l'écrit
- Réactivité, autonomie, rigueur, initiative
- Gestion des situations d'urgence et hiérarchisation des priorités
- Travail en équipe et au sein d'un laboratoire pluridisciplinaire.

Niveau, diplômes et expérience

Master/PhD en bioinformatique ou biologie, complété par une expérience diplômante validée (diplôme d'université par exemple) dans le domaine de la bioinformatique. Une expérience dans le domaine de la bioinformatique appliquée au séquençage haut-débit sera appréciée

Contraintes particulières

Travail sur écran, dans un environnement de bureau.

Lien permanent avec des partenaires aux intérêts multiples.

Modalités de recrutement

Les candidatures (lettre de motivation et curriculum vitae) seront adressées par courriel à Valérie Delague (valerie.delague@univ-amu.fr) et David Salgado (david.salgado@univ-amu.fr).