

## Ingénieur en Bioinformatique spécialisé dans l'analyse de données NGS

Site	Centre de Physiopathologie de Toulouse Purpan (Inserm U1043 - CNRS 5282 - UPS)
Ville	Toulouse
Contrat	CDD (2ans)
Corps	Ingénieur d'Étude ou de Recherche (selon niveau de formation)
Rémunération	Selon grille indiciaire de l'Inserm et expérience

### Contexte

Dans le cadre du projet régional Inspire (<https://www.chu-toulouse.fr/-plateforme-inspire->) dans lequel il est fortement investi, le Centre de Physiopathologie de Toulouse Purpan (<https://www.cptp.inserm.fr/>) souhaite renforcer ses capacités d'analyse de données NGS en recrutant un ingénieur en bioinformatique.

### Mission principale

Analyse approfondie de données NGS dans le cadre de projet de recherche à l'interface entre la clinique et la recherche fondamentale (Vieillesse, Immunologie, Inflammation, Infectiologie, Immunosenescence).

### Activités principales

- Analyse bioinformatique de données brutes de séquençage haut-débit de nouvelle génération : contrôle qualité, alignement, détection des pics, analyse différentielle.
- Analyse combinatoire des données processées issues d'expériences de RNA-seq, CHIP-seq, ATACseq, scRNAseq, détection de variants, whole genome sequencing.
- Aide à l'interprétation des données et à la valorisation des résultats.
- Formation des chercheurs à l'utilisation de logiciels existants.

### Activités associées

- Aide à la mise en forme et à la présentation des données.
- Formation à l'utilisation de logiciels et à la mise en autonomie des utilisateurs.
- Veille bibliographique sur les nouveaux outils d'analyse des données de séquençage.

### Contraintes du poste

- Possibilité de déplacements ponctuels pour assister à des conférences scientifiques, dans le cadre des retraites d'institut ou de laboratoire, ou pour assister à des formations ou des cours.

### Compétences principales requises

- Maîtrise d'un ou plusieurs langages de programmation (R, Python...) et de scripting (Bash...).
- Maîtrise de logiciel d'analyse : IPA, MEMESuite, SAMTools, BEDtools, IGV, Cell Ranger ou Seurat.
- Maîtrise du travail sur cluster de calculs (SLURM).
- Connaissance des méthodes statistiques relatives au machine learning et à l'analyse multidimensionnelle (ACP, tSNE, UMAP).
- Connaissance des bases publiques de données de génomiques.
- Maîtrise de l'anglais scientifique.

### Aptitudes

- Capacité à travailler en équipe, à communiquer, à vulgariser et à transmettre ses connaissances.
- Intérêt dans la recherche interdisciplinaire biologie/médecine.
- Méthode et rigueur dans l'analyse, la hiérarchisation et le stockage des données obtenues.

### Diplôme et expérience requis

- Master en Bioinformatique (ou en Biologie avec expérience professionnelle en bioinformatique).

### Contact

Les applicant.e.s doivent envoyer leur candidature (lettre de motivation, CV, coordonnées de deux référents) par email à Olivier Joffre ([olivier.joffre@inserm.fr](mailto:olivier.joffre@inserm.fr)) avant le 15 Juillet 2020 (prise de fonction au 01/09/20).