

IR Bap A - Ingénieur en traitement des données biologiques (F/H) Soutien d'analyse aux recherches en Génomique

Localisation du poste	<p>Muséum National d'Histoire Naturelle UMS 2700 - Acquisition et Analyse de données pour l'Histoire naturelle 43 rue Cuvier, CP26 75005 Paris</p>
Le poste	<p>Contexte</p> <p>Les besoins du MNHN en analyse de données et particulièrement en génomique évolutive ou fonctionnelle sont en constante augmentation. Le service d'analyse de l'UMS2700 "Acquisition et Analyse de données pour l'Histoire naturelle", a été mis en place dans le but d'organiser les efforts faits pour y faire face. L'objectif est d'offrir un guichet unique pour les membres des unités du MNHN pour leurs analyses de données mais aussi pour les accompagner dans leurs projets ou leur proposer des formations.</p> <p>Les technologies de séquençage à haut débit sont actuellement des méthodologies incontournables pour les projets en génomique ou métagénomique, qui au MNHN concernent des taxons souvent très divergents et représentant des modèles biologiques non conventionnels. Si les chercheurs du MNHN maîtrisent parfaitement les systèmes biologiques non conventionnels dont ils sont experts, des freins demeurent dans la mise en œuvre opérationnelle des approches méthodologiques faisant appel au séquençage haut débit, aussi bien au niveau conceptuel que dans l'analyse des données, limitant l'exploitation et la valorisation des données obtenues.</p> <p><i>La mission de l'IR en traitement bio-informatique des données génomiques sera d'apporter son expertise opérationnelle pour développer et valoriser davantage de projets de recherche en génomique comparative et/ou fonctionnelle au sein du Muséum.</i></p> <p>Activités</p> <p>Accompagnement de projets (40%). Réaliser des scripts et des programmes dédiés permettant de faciliter le traitement, la visualisation et l'analyse de données de génomique comparative et fonctionnelle.</p> <p>Participer à leur interprétation en lien avec les responsables des projets de recherche ainsi qu'à leur valorisation, notamment par la rédaction d'articles de recherche et la mise à disposition des outils d'analyse développés par un système assurant la reproductibilité des analyses et le respect du principe FAIR (Github, ...).</p> <p>Orienter et conseiller en amont les utilisateurs pour la mise en œuvre des protocoles expérimentaux et des méthodes d'étude. En particulier, aider les expérimentateurs à estimer la pertinence entre la stratégie expérimentale, la technologie de séquençage utilisée et les moyens à mettre en œuvre pour l'analyse.</p> <p>Participer à la rédaction et la mise en œuvre de projets de type ANR ou ERC portés par des chercheurs du Muséum sur les aspects techniques de l'acquisition de données et des moyens de leur analyse.</p> <p>Recherche et développement (30%). En lien avec les collaborations suscitées par les équipes du MNHN, développer des méthodes d'analyse nouvelles, reproductibles et mutualisables, visant à mieux comprendre l'évolution des génomes et des organismes.</p>

	<p>Assurer la veille technologique et scientifique sur les méthodes de génomique fonctionnelle à haut débit, et pouvoir assurer le transfert aux espèces non conventionnelles d'outils d'analyse développés chez les organismes modèles (ex. souris, levure, <i>Arabidopsis</i>...).</p> <p>Formation (20%). Participer aux enseignements en analyse de données proposés par l'établissement ainsi qu'au développement de nouvelles offres pédagogiques, mais aussi à la formation continue des utilisateurs. Participer à l'animation d'un réseau de bio-informaticiens et de chercheurs utilisant la bio-informatique au Muséum.</p> <p>Prendre part à la gestion des documentations et protocoles nécessaires à la pérennisation au MNHN des compétences développées au cours des différents projets.</p> <p>Développement et maintenance de l'outil informatique partagé (10%). Développer et maintenir l'infrastructure matérielle et système nécessaire aux analyses conduites au sein de service.</p> <p>Assurer le stockage et la gestion des données du service d'analyse en lien avec la Direction des Systèmes d'Information du MNHN.</p>
Encadrement	Pas d'activité d'encadrement de personnel
Relations professionnelles	La personne recrutée travaillera au sein du pôle d'analyse de l'UMS2700 et développera des relations professionnelles avec différents acteurs du MNHN, notamment, la cellule de soutien bio-informatique (département AVIV), l'Atelier de Bio-informatique (ISYEB), le personnel dédié au cluster de calcul du muséum et plus généralement tous les chercheurs et ingénieurs du MNHN développant ou utilisant des outils bio-informatiques.
Compétences et connaissances nécessaires	<ul style="list-style-type: none"> - Pratique de haut niveau d'un (ou plusieurs) langage(s) de programmation (Python, R, C, ...). - Très bonnes connaissances des méthodes d'analyses de données issues des technologies de séquençage à haut débit de type Chip-seq, RNA-seq, Hi-C, RAD-seq, DNA barcoding, ... - Connaissance des principales bases de données biologiques/génomiques utiles à l'analyse de données de génomique fonctionnelle (NCBI, ENA, KEGG, ...) - Une connaissance des méthodes d'apprentissage machine et de classification (Réseaux de neurones profonds, Random Forest, Support Vector Machine, ...) est souhaitable. - Connaissances de base en installation et maintenance de systèmes type Unix. - Anglais scientifique et technique, oral et écrit. - Savoir gérer plusieurs projets en parallèle et leur calendrier. - Aimer travailler en équipe.
Horaires et conditions de travail	<p><i>Semaine</i> : pas de contraintes particulières, 35h35 par semaine. CDD de droit public catégorie A de 12 mois renouvelable. Salaire en fonction de la qualification selon les grilles de l'établissement.</p> <p><i>Conditions de travail</i> : travail de bureau et/ou télétravail</p>
Candidature	<p>Déposer votre candidature sur la plateforme de recrutement en cliquant sur le lien suivant : https://apps.mnhn.fr/Candidature/?tk=23861148</p> <p>Date limite de candidature : 1er juillet 2021</p>