

Ingénieur spécialisé en NGS

Description du projet :

La mission première de l'ingénieur de recherche recruté sera de continuer les travaux initiés dans le cadre du projet TRACKNAT par l'UMR BIOGECO (<http://www6.bordeaux-aquitaine.inra.fr/biogeco/>), en particulier sur l'évaluation du potentiel œnologique des arbres par l'identification des gènes impliqués dans la biosynthèse des whisky-lactones, des quercotriterpenosides (QTT) et de la Glu-AB. Ces composés sont responsables des principales notes organoleptiques des vins conférées par le bois de chêne (noix de coco, sucrosité, amertume). Des données transcriptomiques ont par ailleurs déjà été analysées fin 2016, permettant à l'ingénieur recruté de se focaliser spécifiquement sur la validation des gènes candidats impliqués dans la biosynthèse de ces composés ciblés. L'ingénieur apportera également son expertise en bioinformatique pour le développement de la technologie Oxford Nanopore Technologies acquise récemment par la Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux. Il prendra intégralement en charge l'analyse des premières séquences générées par cette technologie long-reads, sur deux projets pilotes.

Environnement de recherche

L'ingénieur de recherche en bioinformatique sera rattaché à la Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux (<https://pgtb.cgfb.u-bordeaux.fr/fr>), sous la responsabilité de Franck Salin, responsable technique de la plateforme. Il sera recruté dans le cadre du projet Région TRACKNAT (Traçabilité ADN pour la gestion des ressources naturelles forestières et piscicoles), associant les UMR BIOGECO et ECOBIOP (St Pée sur Nivelle), ainsi que l'UR d'Œnologie de Bordeaux. Les tâches annoncées seront finalisées au cours des 12 mois de contrat de l'ingénieur. Il pourra s'appuyer sur les nombreux collègues de l'UMR BIOGECO déjà impliqués dans le projet TRACKNAT. Enfin, il collaborera étroitement avec l'ingénieur de recherche en bioinformatique recruté en janvier 2017 (pour 12 mois également) par l'UMR ECOBIOP dans le cadre de ce projet TRACKNAT.

Domaines de compétences

Niveau : Thèse en biologie ou / bioinformatique.

La personne recrutée devra posséder des compétences en :

- Analyse de données génomiques NGS
- Alignement de séquences
- Outils de mapping
- Analyse RNASeq, annotation fonctionnelle
- Utilisation et interprétation de logiciels d'analyse bio-informatique
- Maîtrise de l'environnement Linux
- Programmation logicielle orientée objet (Python)
- Connaissance du web service GALAXY (installation et administration)

Une connaissance dans l'analyse des long reads type MinION sera un plus. Des connaissances et/ou une pratique du calcul sur cluster seraient aussi appréciées.

Date et salaire

Prise de poste au 01/09/2017 pour une durée de 12 mois

Salaire : environ 2300 € net (niveau IR)

Pour candidater envoyez avant le **20/06/2017**

- une lettre de motivation expliquant votre cursus et vos domaines de compétences
- un CV
- le nom de 2 ou 3 personnes de référence

Envoyez ces documents à franck.salin@inra.fr et erwan.guichoux@inra.fr

Les candidats retenus seront convoqués pour un entretien début juillet