

Ingénieur.e (F/H) en analyse de données NGS

Description du projet :

L'UMR BIOGECO (<http://www6.bordeaux-aquitaine.inra.fr/biogeco/>) mène des recherches sur les mécanismes biologiques qui régissent l'évolution de la biodiversité en intégrant des niveaux d'analyse qui vont des communautés aux gènes.

Dans ce cadre très général, la mission première de l'ingénieur.e recruté.e sera de participer aux développements et à la mise au point d'outils d'analyses (projets R&D) de long reads Nanopore sur la plateforme NGS de l'UMR (<https://pgtb.cgfb.u-bordeaux.fr/fr/la-plateforme>). Il s'agira principalement de maintenir et mettre à jour les outils et pipelines déjà existants pour des génomes de procaryotes et de mettre en place des stratégies d'assemblage de génomes plus complexes. L'ingénieur.e. contribuera également à des travaux de recherche menés dans le cadre de deux projets européens avec les chercheurs de l'UMR.

- le premier projet LIFE « SAMFIX : SAVING Mediterranean Forests from Invasions of Xylosandrus beetles and associated pathogenic fungi » a pour objectif de mettre au point des méthodes de caractérisation de champignons pathogènes véhiculés par des insectes xylophages, afin d'étudier les risques phytosanitaires qu'ils posent. Il s'agira de développer un pipeline de métabarcoding sur la base de long reads et de réaliser l'analyse de données permettant de caractériser la diversité fongique associée aux insectes. Un travail bibliographique, de comparaison de méthodes et d'évaluation des résultats sera nécessaire (comparaison avec données Miseq, analyse de mock community...) afin de valider les données produites. La personne recrutée pourra être amenée, dans le cadre de ce projet, à encadrer un.e étudiant.e de master en bio-informatique.

- le second projet « HOMED : HOlistic Management of Emerging forest pests and Diseases » vise à définir différentes stratégies de lutte face aux bio-agresseurs invasifs (champignons et insectes) des arbres forestiers européens. Dans ce cadre, nous souhaitons développer un outil générique et facile d'utilisation de développement rapide de marqueurs moléculaires à partir de génomes complets ou non de n'importe quel champignon pathogène (voir applicables à d'autres espèces invasives). Il s'agira notamment de cibler dans différents génomes d'espèces non-modèles, des gènes en simple copie ou bien certaines familles de gènes en fonction des questions posées. Des premiers développements ont été réalisés sur deux espèces-tests et ont permis de démontrer la faisabilité de la méthode. Il s'agira de rendre cette méthodologie utilisable par n'importe quel utilisateur, en particulier non-expert en bio-informatique, à partir d'une chaîne d'analyse bio-informatique.

Environnement de recherche :

L'ingénieur.e effectuera ses activités dans le cadre de la Plateforme Génome Transcriptome de Bordeaux (<https://pgtb.cgfb.u-bordeaux.fr/fr>). Elle/Il pourra bénéficier de l'aide et des conseils des informaticiens et bio-informaticiens de l'UMR d'adossement (BIOGECO).

Domaines de compétences :

Niveau: IE ou IR

La personne recrutée devra posséder des compétences en :

- Analyse de données de NGS
- Annotation fonctionnelle
- Utilisation et interprétation de logiciels d'analyse bio-informatique
- Maîtrise de l'environnement Linux et du Bash
- Maîtrise d'au moins un langage de programmation/scripting (Python, Perl, R)

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

Date et salaire :

Prise de poste au 01/02/2019 pour une durée de 18 mois

Salaire: 2019 € brut (niveau IE)
2338 € brut (niveau IR)

Pour candidater, envoyez avant le 25/11/2018 :

- 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 olivier.lepais@inra.fr

Les candidats retenus seront convoqués pour un entretien. Pour des raisons administratives, le candidat recruté ne devra pas avoir plus de 18 mois d'ancienneté dans une autre EPST.