

## Ingénieur.e biologiste en traitement des données

**BAP : A**

**Grade : IE CN**

**Lieu : Marseille**

**Date d'embauche : 01/04/2023**

**Quotité de travail : 100%**

**Rémunération : 1891€**

**Niveau d'étude souhaité : Bac+5 – Master 2 en bio-informatique**

**Expérience souhaitée : Débutant**

**Pour postuler : <https://emploi.cnrs.fr/Offres/CDD/UMR7263-KHEBOU-018/Default.aspx>**

### Missions

L'ingénieur.e sera chargé.e de développer et mettre en œuvre des méthodes informatiques et bio-informatiques afin d'optimiser l'analyse, la modélisation et l'accès aux données à large échelle générées par le laboratoire. La majorité de ces données sont acquises par différentes approches omiques : (méta)-transcriptomique, (méta)-génomique, protéomique, génomique des populations, métabarcoding, épigénomique et métabolomique. L'ingénieur.e travaillera en étroite collaboration avec les chercheurs en charge des données et devra les former aux outils qu'il.elle mettra en place.

### Activités

- Recueillir, contrôler et organiser le stockage des données issues du séquençage haut débit
- Mettre en place des procédures standardisées de développement de codes logiciels et assurer le respect des normes qualité et des réglementations en vigueur (traçabilité, accessibilité, reproductibilité)
- Développer les outils adaptés aux questions posées permettant d'exploiter les données obtenues et permettant de répondre aux problématiques des chercheurs
- Conseiller les utilisateurs.rices sur les choix technologiques, les volumes de données et les méthodologies appropriées pour leurs problématiques
- Aider au transfert, au stockage et à l'analyse des données issues des nouvelles méthodes de séquençage à l'aide des méthodes / logiciels sous différents environnements systèmes (clusters, cloud, station de travail)
- Assurer une veille technologique
- Assurer le soutien au déploiement, à l'amélioration ou l'adaptation de ces méthodes sous forme de workflows reproductibles et assister et former à leur usage

## Compétences

- Solide expérience théorique et pratique en bio-informatique appliquée au traitement des données du séquençage haut débit
- Maîtrise de l'anglais
- Maîtrise des méthodologies spécifiques de la (meta-)transcriptomique, la (meta-)génomique, du barcoding environnemental et l'analyse du polymorphisme de ces données (SNPs...)
- Maîtrise des logiciels requis pour l'analyse de données omiques.
- Maîtrise du langage de programmation Python
- Maîtrise du système Linux
- Maîtrise des analyses statistiques uni- et multivariées classiques dans R
- Expérience d'utilisation d'un cluster de calcul (SLURM)
- Savoir structurer et rédiger une documentation technique
- Connaissance de l'outil de gestion de code Git
- Connaissance de différentes architectures logicielles
- Connaissances générales en biologie moléculaire et génétique, évolution, écologie et chimie

## Contexte de travail

L'Institut Méditerranéen de la Biodiversité et d'Ecologie marine et continentale (IMBE) est un laboratoire de recherche multi-tutelles (AMU, CNRS, AU, IRD). L'IMBE développe une approche intégrative pour l'étude de la biodiversité et des systèmes socio-écologiques. L'IMBE comprend plus de 260 agents répartis sur 7 équipes de recherche, 5 services communs et 2 services support et est une des composantes de l'OSU Pytheas de Marseille

L'ingénieur.e intégrera le Service Informatique et Données (SID) composé de 4 agents dont le responsable informatique de l'unité et 3 agents à temps partiels travaillant sur des problématiques de gestion de base de données pour la science. L'ingénieur.e interagira régulièrement avec différentes équipes de recherche et le responsable calcul scientifique du Service Informatique de l'OSU.

## Contraintes

Déplacements réguliers sur les différents sites de l'aire d'Aix-Marseille du laboratoire.