



Ingénieur- en bio-informatique

Corps : Fonctionnaire catégorie A

BAP (branche d'activité professionnelle) : A

Emploi type : A2A41 – Ingénieur d'étude

Nombre de poste(s) offert(s) : 1

Localisation du poste : EPHE – ISYEB - BIPEM - Muséum national d'Histoire naturelle - CP39

Bât. Cryptogamie, 12 rue Buffon - 75005 Paris

ENVIRONNEMENT ET CONTEXTE DE TRAVAIL

L'École Pratique des Hautes Études (EPHE) est un grand établissement d'enseignement supérieur et de recherche, membre de l'Université Paris Sciences et Lettres (PSL), et membre fondateur du Campus Condorcet. L'EPHE est implantée sur plusieurs sites en France métropolitaine et en Polynésie française.

Le poste est assuré au sein de l'équipe « Biologie Intégrative des Populations et Évolution Moléculaire » de l'Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB, UMR 7205) située au Muséum National d'Histoire Naturelle à Paris. L'équipe BIPEM est composée de 5 enseignants-chercheurs permanents, une technicienne, et plusieurs doctorants et stagiaires.

L'équipe BIPEM mène des recherches portant sur l'étude des phénomènes évolutifs à travers diverses disciplines comme la génétique des populations, l'écologie comportementale, la génétique quantitative et l'épidémiologie moléculaire en partenariat avec plusieurs équipes du MNHN, en France et à l'étranger.

MISSIONS

L'ingénieur-e en bio-informatique assure la gestion et du traitement bio-informatique des données, notamment du type « *Next Generation Sequencing* » (NGS), issues de plusieurs projets de recherche.

ACTIVITÉS PRINCIPALES

- Etablir des *pipelines* d'analyses des données pour le traitement des librairies produites par des méthodes de type *RAD-Seq*, *Whole Genome Sequencing* ou transcriptomique.
- Analyser statistiquement les données produites et être capable de présenter et interpréter les résultats dans leur contexte scientifique.
- La candidate ou le candidat pourra, dans le temps non imparti aux projets de l'équipe, être autonome pour développer des projets méthodologiques s'inscrivant dans le contexte thématique de l'équipe. Ces investissements se traduiront notamment par la co-signature des articles scientifiques de l'équipe.

COMPÉTENCES REQUISES

Savoirs

- Maîtrise de l'analyses de données « omics »
- Connaissance du système d'exploitation GNU/Linux ou autre Unix-like,
- Connaissance d'au moins un langage de programmation utilisé en analyse de données (R, Python, Perl, Julia, ...).
- Connaissance de la syntaxe d'un shell en ligne de commande (notamment bash, zsh ou fish, et les programmes GNU comme sed ou awk)
- Connaissance de plusieurs logiciels dédiés à l'analyses des données NGS : BWA, SAMtools, GATK, PICARD, ANGSD....
- Anglais, lu et écrit.

Facultatif : connaissance de logiciels pour l'analyse des données précédemment filtrés (fastsimcoal, Beast, LEA, Structure entre autres)

Savoirs-faire

- Utiliser des *pipelines* déjà existant en ligne de commande et les modifier si nécessaire pour le traitement de données de type NGS dans le cadre des projets menés par l'équipe.
- Traiter des gros jeux de données en travaillant sur un cluster informatique.
- Interpréter les résultats des analyses dans leur contexte scientifique.
- Rédiger en anglais les parties des articles scientifiques en lien avec les données analysées.

Facultatif : analyser statistiquement les données obtenues à l'aide d'un langage de programmation (R, Python, Julia...) et/ou à partir de programmes existants pour des analyses plus spécialisées de génétique des populations ou phylogénie.

Savoirs-être

- Excellente capacité relationnelle. La candidate ou le candidat retenu sera amené à travailler en groupe et à communiquer ses avancements sur une base régulière à l'équipe et/ou au chercheur responsable du projet.
- Esprit d'initiative et autonomie.
- Rigueur et sens de l'organisation.